



## FORMULARIO PARA LA ELABORACIÓN DE LA MEMORIA DE VERIFICACIÓN DE TÍTULOS OFICIALES DE MÁSTER UNIVERSITARIO

**Denominación del Título:**

*Máster Universitario en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas por la Universidad de Sevilla y la Universidad Internacional de Andalucía*

**Rama del Conocimiento:**

*Ciencias*

**Centro responsable:**

*Facultad de Biología de la Universidad de Sevilla*

<b>Versión</b>	<b>Consejo de Gobierno</b>	<b>Implantación / Modificación Sustancial</b>	<b>Año Implantación</b>
V01	18-12-2019	Implantación del Título	2021



**Índice:**

1.- DESCRIPCIÓN DEL TÍTULO	3
2.- JUSTIFICACIÓN	4
3.- COMPETENCIAS	12
4.- ACCESO Y ADMISIÓN DE ESTUDIANTES	15
5.- PLANIFICACIÓN DE LAS ENSEÑANZAS	31
6.- PERSONAL ACADÉMICO	55
7.- RECURSOS MATERIALES Y SERVICIOS	115
8.- RESULTADOS PREVISTOS	128
9.- SISTEMA DE GARANTÍA DE CALIDAD DEL TÍTULO	131
10.- CALENDARIO DE IMPLANTACIÓN	132

**1.- DESCRIPCIÓN DEL TÍTULO**
**1.0.- RESPONSABLE DEL TÍTULO**

<b>1º Apellido:</b>	<i>Romero</i>		
<b>2º Apellido:</b>	<i>RodríguezRodríguez</i>		
<b>Nombre:</b>	<i>José María</i>	<b>NIF:</b>	<i>28541389-E</i>
<b>Centro responsable del título:</b>	<i>Facultad de Biología</i>		

**1.1.- DENOMINACIÓN Y CARACTERÍSTICAS GENERALES DEL TÍTULO**

<b>Denominación del título:</b>	<i>Máster Universitario en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas por la Universidad de Sevilla y la Universidad Internacional de Andalucía</i>
<b>Especialidades :</b>	<i>No procede</i>

**1.2.- CENTRO RESPONSABLE DE ORGANIZAR LAS ENSEÑANZAS**

<b>Centro/s donde se impartirá el título:</b>	<i>Facultad de Biología, Universidad de Sevilla Campus de La Cartuja de la Universidad Internacional de Andalucía</i>
<b>Universidades participantes</b> ( <i>únicamente si se trata de un título conjunto, adjuntando el correspondiente convenio</i> ):	<i>Universidad de Sevilla y Universidad Internacional de Andalucía</i>

**1.3.- TIPO DE ENSEÑANZA Y RAMA DEL CONOCIMIENTO A QUE SE VINCULA**

<b>Tipo de enseñanza:</b>	<i>Presencial</i>
<b>Rama conocimiento:</b>	<i>Ciencias</i>
<b>Ámbito de estudios:</b>	<i>Biología y Bioquímica (421), Informática (481), Matemáticas (461), Estadística (462) conforme a la clasificación internacional ISCED</i>

**1.4.- NÚMERO DE PLAZAS DE NUEVO INGRESO OFERTADAS**

<b>Número de plazas de nuevo ingreso ofertadas en el 1º año de implantación:</b>	<i>30</i>
<b>Número de plazas de nuevo ingreso ofertadas en el 2º año de implantación:</b>	<i>30</i>

**1.5.- NÚMERO DE CRÉDITOS DEL TÍTULO Y REQUISITOS DE MATRÍCULACIÓN**

<b>Número de créditos ECTS del título:</b>	<i>60</i>
<b>Número mínimo de créditos ECTS de matrícula por el estudiante y período lectivo:</b>	<i>60</i>
<b>Normas de permanencia:</b>	<a href="http://servicio.us.es/academica/sites/default/files/nuevosplanes/permanpdf.pdf">http://servicio.us.es/academica/sites/default/files/nuevosplanes/permanpdf.pdf</a>

**1.6.- RESTO DE INFORMACIÓN NECESARIA PARA LA EXPEDICIÓN DEL SET**

<b>Profesión regulada para la que capacita el título:</b> (Sólo para profesiones reguladas en España)	<i>No procede</i>
<b>Lenguas utilizadas a lo largo del proceso formativo:</b>	<i>Lengua española</i>



<p>(Solo si se imparte al menos una asignatura obligatoria en un idioma distinto al Castellano)</p>	
---	--

## 2.- JUSTIFICACIÓN

### 2.1.- JUSTIFICACIÓN DEL TÍTULO: INTERÉS ACADÉMICO, CIENTÍFICO Y/O PROFESIONAL

El Máster Universitario conjunto (Universidad de Sevilla-Universidad Internacional de Andalucía) que se propone en *Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas* es un programa de posgrado interdisciplinar que tiene como objetivo proporcionar a los estudiantes los conocimientos y las habilidades necesarias para solucionar problemas biológicos específicos en entornos académicos, profesionales y clínicos, desarrollando y aplicando estrategias computacionales y sistemas informáticos. El área del análisis de datos ómicos constituye una de las grandes innovaciones tecnológicas, científicas y de desarrollo de este siglo. La solución de problemas complejos conlleva el manejo de grandes conjuntos de datos que no son posible de abordar sin el recurso de herramientas bioinformáticas. La creciente necesidad de analizar y diseñar sistemas biológicos complejos hace que en la actualidad exista una gran demanda de investigadores y profesionales cualificados en el ámbito del análisis masivo de datos de naturaleza biológica. Según el estudio de Markets and Markets “Bioinformatics Market by Product & Service (Knowledge Management Tools, Data Analysis Platforms (Structural & Functional), Services), Applications (Genomics, Proteomics & Metabolomics), & Sectors (Medical, Academics, Agriculture) - Global Forecast to 2023, se estima que el mercado bioinformático en Estados Unidos pasará de  $7,06 \times 10^9$  \$ en 2018 a  $13,5 \times 10^9$  \$ en 2023, con un crecimiento anual compuesto del 14,5% , según aparece en: <https://www.marketsandmarkets.com/Market-Reports/bioinformatics-39.html>. Esto sugiere fuertemente que la demanda de especialistas formados en análisis ómicos-bioinformática crecerá muy significativamente en los próximos años.

El máster interuniversitario *Análisis de datos Ómicos y Biología de Sistemas* que se propone formará a expertos con conocimientos y habilidades orientados al desarrollo de nuevas estrategias computacionales y sistemas informáticos de utilidad en la investigación en las diferentes ramas de la biología, investigación biomédica, farmacéutica o biotecnológica y en el tratamiento de datos para fines aplicados en el ámbito empresarial relacionado con las biociencias. Por tanto, el máster plantea una formación especializada e interdisciplinar en la frontera entre la biología, en su más amplio sentido, y la informática, ajustándose al Real Decreto 1393/2007, de 29 de octubre, por el que se establece la ordenación de las enseñanzas

universitarias oficiales que, en referencia específicamente a las enseñanzas de máster, indica en el punto 1 del artículo 10: “Las enseñanzas de Máster tienen como finalidad la adquisición por el estudiante de una formación avanzada, de carácter especializado o multidisciplinar, orientada a la especialización académica o profesional, o bien a promover la iniciación en tareas investigadoras”.

Como se ha indicado, la formación en análisis de datos ómicos tiene su origen en la necesidad de procesar datos biológicos de gran volumen y complejidad que requieren de herramientas informáticas. El desarrollo de las diferentes ómicas (genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica,...) aplicadas a diferentes áreas relacionadas con la biología requiere de expertos capaces de trabajar y desarrollar herramientas para el análisis masivo de datos y que a su vez tengan un bagaje que les permita la interpretación de los resultados obtenidos por las diferentes técnicas bioinformáticas. Por otro lado, la constante disminución en los costes de obtención de datos masivos dará lugar a que no sólo se realicen de forma rutinaria análisis ómicos a nivel de investigación básica, sino que se extenderán, muy posiblemente, a la industria biotecnológica, la práctica clínica, la farmacología, agricultura, etc. Esto generará una gran necesidad de expertos con la formación adecuada para gestionar esa ingente cantidad de datos ómicos. Por ello, la demanda de expertos con formación en análisis de datos ómicos es ya una realidad y seguirá creciendo en los próximos años no sólo a nivel de investigación sino en muy diversos ámbitos. Por otro lado, no sólo es necesario que los profesionales sean capaces de realizar análisis ómicos e interpretarlos, sino que será imprescindible que dispongan de las capacidades básicas para poder implementar nuevas aplicaciones de software que se puedan adaptar a las necesidades tanto investigadoras como empresariales que surjan en el futuro.

### **Demanda potencial de profesionales especializados en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas**

Como se indicó anteriormente, el estudio Global Forecast-2023 sobre la evolución del mercado de la bioinformática indica el gran crecimiento de esta área en un futuro cercano. La demanda de especialistas en análisis ómicos y biología de sistemas se incrementará, por ello, de forma continua a nivel nacional e internacional. Es relativamente fácil encontrar actualmente ofertas de empleo tanto de organismos públicos como de empresas en diferentes plataformas de búsqueda de empleo. En plataformas como Naturejobs (<https://www.nature.com/naturecareers>), NewScientistJobs (<https://jobs.newscientist.com/en-gb/searchjobs/?>

Keywords=BIOINFORMATICS&radialtown=&LocationId=&RadialLocation=5), Glassdoor-España ([https://www.glassdoor.es/Empleo/bioinformatica-empleos-SRCH\\_KE0,14.htm](https://www.glassdoor.es/Empleo/bioinformatica-empleos-SRCH_KE0,14.htm)) la oferta de empleos relacionados con la bioinformática, análisis ómicos y biología de sistemas crece de forma continua. Una simple búsqueda con las palabras clave “bioinformatics” AND “employment offer” en cualquier buscador ofrece alrededor de 19000 páginas de numerosos países donde se ofertan empleos para este tipo de expertos, con sueldos anuales que suelen superar ampliamente los 50.000 euros al años. Pueden verse algunas de estas ofertas recientes de dentro y fuera de España en los siguientes enlaces (<https://mon.uvic.cat/master-omics/job-offers-in-bioinformatics/>) (<https://www.indeed.com/q-Bioinformatics-jobs.html>) (<https://jobs.newscientist.com/en-gb/jobs/bioinformatics/europe/>) (<https://academicpositions.es/jobs/bioinformatics>) (<https://jobs.sciencecareers.org/jobs/bioinformatics/>). Según un estudio realizado en Estados Unidos por la empresa Market Research Firm “el crecimiento del mercado de la bioinformática está impulsado por la creciente demanda de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas, el aumento de las iniciativas y la financiación gubernamentales y el creciente uso de la bioinformática en los procesos de descubrimiento de fármacos y desarrollo de biomarcadores. Sin embargo, la falta de personal cualificado en el uso adecuado de las herramientas bioinformáticas”. Según este estudio, que recopila los datos de diversas empresas y numerosos países de América, Europa y Asia, se prevé un incremento del 14% del mercado bioinformático en tan solo 5 años (2018-2023). Esta previsión se verá incrementada a raíz de la presente pandemia por la Covid19. El estudio detallado donde se muestran los sectores de la bioinformática que mostrarán mayor desarrollo puede consultarse en (<https://www.marketsandmarkets.com/Market-Reports/bioinformatics-39.html>).

Dada la importancia actual y futura de la gestión de datos ómicos y su utilización por parte de los diferentes agentes sociales, la Unión Europea, dentro del 7º Programa Marco creó ELIXIR (<https://elixir-europe.org/>), una organización intergubernamental dirigida a construir y operar una infraestructura de información biológica de la que España es partícipe. Con ello se pretende apoyar la investigación en ciencias de la vida y fomentar avances en medicina, medio ambiente, bioindustrias y la sociedad en general. Los recursos de ELIXIR incluyen bases de datos, herramientas informáticas, material de formación, almacenamiento y supercomputadores, entre otros. Asimismo, el incremento de artículos científicos y de revistas especializadas en este campo es un indicador de la pujanza que está teniendo el análisis de datos ómicos y la biología de sistemas en la actualidad. Así, el número de revistas relacionadas

ha pasado de 4-5 a más de 25 en los últimos años.

Por todo lo anterior, la demanda de expertos en análisis ómicos seguirá creciendo, ya que en el escenario actual sólo se están empezando a implantar las técnicas ómicas en centros de investigación, universidades, hospitales y algunas empresas. Se prevé que la implantación de este tipo de técnicas en empresas se incremente notablemente, con lo que la demanda de profesionales especializados crecerá de forma significativa, aumento que irá paralelo a la gran capacidad actual y futura de generación de datos ómicos.

La implantación del Máster Interuniversitario (US-UNIA) en Análisis de datos Ómicos y Biología de Sistemas es, por tanto, una necesidad para la formación de expertos en esta área. En la comunidad andaluza no existen másteres oficiales en análisis de datos ómicos y biología de sistemas o bioinformática. Únicamente existe un máster propio *online* impartido en la Universidad Pablo de Olavide denominado Análisis Bioinformático Avanzado. Es por ello necesario implementar esta área de formación en Andalucía. De hecho, al no existir ninguna titulación oficial similar en la comunidad autónoma, muchos estudiantes que terminan sus grados universitarios y desean especializarse en el análisis de datos ómicos y la biología de sistemas tienen que formarse en otras universidades españolas o extranjeras.

En los grados relacionados con las ciencias de la vida o de la salud, la formación en análisis ómicos, biología de sistemas o bioinformática es muy escasa. En el caso concreto de la Universidad de Sevilla únicamente existen asignaturas relacionadas con este campo en el Grado en Bioquímica (Facultad de Biología), en el Grado en Ingeniería de la Salud (Escuela Técnica Superior de Ingeniería Informática) y en el Grado en Biomedicina. En el Grado en Bioquímica (grado conjunto entre la Universidad de Sevilla y la Universidad de Málaga) se imparten 3 asignaturas relacionadas con estos aspectos como son: Informática Aplicada a la Bioquímica y Biología Molecular de Sistemas (asignaturas obligatorias) y Bioinformática y Análisis Genómicos (asignatura optativa). En el Grado en Ingeniería de la Salud (grado conjunto entre la Universidad de Sevilla y la Universidad de Málaga) existe un itinerario en bioinformática impartido únicamente en la Universidad de Málaga. Por otro lado, en el Grado en Biomedicina Básica y Experimental se imparte la asignatura Técnicas Ómicas y Bioinformática. Asimismo, se imparten algunas asignaturas relacionadas en diferentes másteres como en el Máster Universitario en Biología Avanzada: Investigación y Aplicación (Bioinformática), en el Máster Universitario en Genética Molecular y Biotecnología (Evolución Molecular y Bioinformática) y en el Máster Universitario en Lógica, Computación e Inteligencia Artificial (Técnicas Inteligentes en Bioinformática y Simulación y Análisis

Computacional en Biología de Sistemas).

En lo que respecta a la Universidad Internacional de Andalucía indicar que participa en la impartición de los Másteres Interuniversitarios en Biotecnología Avanzada y en Simulación Molecular, en los que se imparten asignaturas como: Bioinformática y Tratamiento de Datos en el primero y Sistemas Operativos y Programación en el segundo.

Debido a que las asignaturas indicadas anteriormente se imparten en distintas titulaciones, la formación en estos aspectos es claramente insuficiente y un egresado en estas titulaciones es difícil que pueda ser capaz de diseñar o decidir qué tipo de análisis ómico debe aplicar a nivel de investigación o en la empresa privada, o de desarrollar nuevas aplicaciones. Sin embargo, existe la capacidad por parte de las dos universidades solicitantes de impartir un máster que permita un nivel de especialización alto a los estudiantes que lo cursen. El máster que se presenta permitiría cubrir las carencias indicadas y conseguir que los alumnos que lo cursen adquirieran las competencias básicas para poder interpretar, gestionar y analizar datos ómicos en diferentes contextos y poder desarrollar nuevas aplicaciones y acercamientos experimentales de análisis masivos de datos ómicos.

La Universidad de Sevilla y la Universidad Internacional de Andalucía tienen probada experiencia en la impartición de másteres, cursos de postgrado y programas de doctorado en las áreas de ciencias y ciencias de la salud, así como en ingeniería informática y la aplicación de técnicas computacionales al estudio de procesos biológicos.

El título interuniversitario que se propone al ser altamente especializado requiere un profesorado muy específico, experto en las disciplinas que componen el plan de estudios. Para ello, se cuenta con profesorado de la Universidad de Sevilla con trayectorias investigadoras en el área, así como con profesorado de otros centros universitarios y de investigación (andaluces, españoles y europeos) y profesionales doctos en la materia que se corresponden con el encargo docente de la UNIA. De esta forma, se asegura que el profesorado que participará en el Máster Interuniversitario en *Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas* tiene una formación muy adecuada en áreas de conocimiento relacionadas con biología, farmacia, matemáticas, informática, etc...y en muchos casos tienen experiencia contrastada en análisis ómicos y biología de sistemas, que unido a profesionales de distintos centros de investigación que aplican la bioinformática en su labor investigadora constituirán la base del profesorado del título solicitado. Asimismo, se contará con profesionales que aporten aspectos relacionados con la aplicación de la bioinformática en el tejido empresarial.

**EN SU CASO, NORMAS REGULADORAS DEL EJERCICIO PROFESIONAL**

No procede

**2.2.- REFERENTES EXTERNOS A LA UNIVERSIDAD PROPONENTE QUE AVALEN LA ADECUACIÓN DE LA PROPUESTA A CRITERIOS NACIONALES O INTERNACIONALES PARA TÍTULOS DE SIMILARES CARACTERÍSTICAS ACADÉMICAS**

Durante el desarrollo de la presente solicitud de titulación se han consultado los programas de estudio de otros títulos equivalentes que se imparten dentro de España a fin de ofertar un programa de estudios acorde con el de otras instituciones ya consolidadas en su oferta académica.

Se indican algunos de los referentes utilizados para la elaboración de la propuesta del Máster Universitario Conjunto entre la Universidad de Sevilla y la Universidad Internacional de Andalucía en Análisis Ómicos y Biología de sistemas y los aspectos en los que convergen:

- Universidad Autónoma de Madrid, Máster Universitario en Bioinformática y Biología Computacional: <http://www.uam.es/UAM/Bioinform%C3%A1tica-y-Biolog%C3%ADa-Computacional/1446727595246.htm?pid=1242684629435&title=M%C3%A1ster%20Universitario%20en%20Bioinform%C3%A1tica%20y%20Biolog%C3%ADa%20Computacional>. El programa de este máster presenta una gran convergencia con el aquí propuesto en los contenidos fundamentales del título. Asignaturas relacionadas con estadística avanzada, análisis ómicos, redes, modelización y filogenia son comunes a ambos.
- Universidad de Valencia, Máster Universitario en Bioinformática: <https://www.uv.es/uvweb/ontinyent-campus/es/master-1285848941532/Titulacio.html?id=1285860963472>. Los contenidos estrictamente informáticos de este máster han sido considerados en la elaboración de nuestro programa de estudios, sobre todo la asignatura “Programación y técnicas computacionales avanzadas en bioinformática” ha servido como base para diseñar la asignatura “Métodos Estadísticos Avanzados en Bioinformática y Biología de Sistemas” de esta propuesta.
- Universidad Autónoma de Barcelona, Máster Oficial en Bioinformática: <https://www.uab.cat/web/informacion-academica-de-los-masteres-oficiales/la-oferta-de-masteres-oficiales/informacion-general-1096480309770.html?param1=1327908905033>. El diseño de los módulos obligatorios de esta máster ha servido de base para el desarrollo de los módulos I-III de la propuesta que se presenta.
- Universidad Pompeu Fabra, Máster Universitario en Bioinformática para las Ciencias de la Salud: <https://www.upf.edu/es/web/masters/bioinformatica-per-a-les-ciencies-de-la-salut> Este máster propone una especialización en Biología de Sistemas que no aparece en otros másteres similares y que han servido para diseñar la propuesta que se presenta.
- Universidad Pablo de Olavide, Máster Propio en Análisis Bioinformático Avanzado (online): <http://www.upo.es/postgrado/Master-Analisis-Bioinformatico-Avanzado> El programa de este máster nos ha servido de referente para intentar hacer una oferta diferenciada con un mayor número de asignaturas optativas centradas en las aplicaciones en los distintos campos de la bioinformática y biología de sistemas.
- Universidad de VIC, Universitat Central de Catalunya, Máster Universitario en análisis de datos omicos:

<https://www.uvic.cat/es/master/analisi-de-dades-omiques-omics-data-analysis>

- University of Stanford, USA, Msc in Biomedical Informatics: (<https://med.stanford.edu/bmi/prospective-students/masters-degree-research-biomedical-informatics.html>) En este título se pone mucho énfasis en que el alumnado participe en seminarios de aplicaciones de la informática. Hemos recogido esta idea en forma de asignaturas optativas todas dirigidas a la aplicaciones de estos estudios.

Un aspecto común a todos estos títulos es la alta carga que presenta el TFM, lo que ha quedado recogido en nuestra oferta con una asignatura de TFM de 14 ECTS.

### **2.3.- DESCRIPCIÓN DE LOS PROCEDIMIENTOS DE CONSULTA INTERNOS Y EXTERNOS UTILIZADOS PARA LA ELABORACIÓN DEL PLAN DE ESTUDIOS**

#### **2.3.1.- Procedimientos de consulta INTERNOS**

Para la elaboración del plan de estudios se consultó a profesores de la Universidad de Sevilla de los departamentos cuyas áreas de conocimiento convergen en el plan de estudios. Además, se consultaron investigadores con perfiles científicos relevantes para el plan de estudios de diferentes centros mixtos entre la Universidad de Sevilla y el Consejo Superior de Investigaciones Científicas tales como el Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis, Instituto de Biomedicina de Sevilla, el Centro Andaluz de Biología Molecular y Medicina Regenerativa. También, se consideraron investigadores del Instituto de Matemáticas de la Universidad de Sevilla, del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CSIC) y de la Estación Biológica de Doñana (CSIC). Estas consultas se realizaron a través de tres reuniones presenciales donde se plantearon inicialmente diferentes estructuras para el plan de estudios, se discutieron modificaciones y se consensuó la estructura final. Esta estructura final del plan de estudios se circuló por correo electrónico realizándose cambios menores según las sugerencias que realizaron los diferentes profesores e investigadores. También se consultaron expertos externos de reconocido prestigio tanto en la formación de investigadores, como en su implicación en la Bioinformática. Concretamente se consultaron dos expertos a fin de que dieran su valoración sobre el plan de estudios propuesto. Estos expertos fueron Victor de Lorenzo, que ha sido el responsable del programa de Biología de Sistemas del Centro Nacional de Biotecnología en Madrid, siendo una de las figuras interacionales de referencia en el campo de la biología de sistemas y sintética. También se consultó a Marcos Egea Gutiérrez-Cortines, Catedrático en la Universidad Politécnica de Cartagena y coordinador del Máster Universitario en Bioinformática, también un referente nacional en el tema. Se envió el Plan de estudios a estos dos expertos y ambos han dado el visto bueno a la propuesta considerándola muy bien desarrollada y completa.

Como resultado de estas consultas además del diseño del plan de estudios también se consiguió que investigadores sin vinculación con la Universidad de Sevilla mostrasen su interés y disposición a participar en la docencia de diferentes asignaturas así como en la dirección de trabajos fin de máster. Estos investigadores se incorporaran al claustro del máster contratados por la Universidad Internacional de Andalucía.

### 2.3.2.- Procedimientos de consulta EXTERNOS

Se ha realizado una búsqueda de títulos de máster en Bioinformática de universidades de prestigio en el ámbito de la bioinformática y la biología computacional. Para cada uno de esos títulos se ha hecho un análisis del Plan de Estudio a fin de conocer los contenidos comunes. Salvando el hecho de que algunos títulos tienen una carga de créditos más alta, todos tienen en común una gran desarrollo del Trabajo Fin de Máster. También presentan materias obligatorias comunes relacionadas con programación, fundamentos de bioinformática, análisis de secuencias y fundamentos de ómicas. En muchos de estos títulos se oferta una gran lista de asignaturas optativas a fin de que el alumno pueda elegir diferentes especializaciones. En la propuesta que presentamos se han incluido como contenidos básicos los que son comunes a los títulos consultados y además se han ofertado como asignaturas obligatorias aquellas las optativas que con mas frecuencia se ofertan en estos títulos y que profundizan en conocimientos de gran demanda como transcriptómica, metabolómica, análisis de imágenes o de redes.

Para elaborar esta memoria se han analizado los contenidos propuestos por las siguientes universidades extranjeras:

- Freie Universität Berlín (Germany), Master of Science in Bioinformatics: [https://www.daad.de/deutschland/studienangebote/international-programmes/en/detail/4724/#tab\\_overview](https://www.daad.de/deutschland/studienangebote/international-programmes/en/detail/4724/#tab_overview)
- University of Glasgow (UK), Postgraduate taught degree programmes. Bioinformatics: <http://www.gla.ac.uk/postgraduate/taught/bioinformatics>
- University of Edinburgh (UK), Máster Degree in Bioinformatics: <https://www.ed.ac.uk/biology/postgraduate/taught-programmes/bioinformatics>
- Imperial College, London (UK), MSc in Bioinformatics and Theoretical Systems Biology: <http://www.imperial.ac.uk/study/pg/life-sciences/bioinformatics/>
- Vrije University, Amsterdam (Holanda), MSc in Bioinformatics and Systems Biology: <https://studiegids.vu.nl/en/master/2019-2020/bioinformatics-and-systems-biology>
- Computational Science, Oxford University, UK, Msc in Bioinformatics and Computational Biology: (<https://www.cs.ox.ac.uk/teaching/courses/2012-2013/bcb/>),
- Postgrade Program in Bioinformatics, Cambridge University, (<https://bioinfotraining.bio.cam.ac.uk/postgraduate>)
- University of Standford, USA, Msc in Biomedical Informatics: (<https://med.stanford.edu/bmi/prospective-students/masters-degree-research-biomedical-informatics.html>)

## 3.- COMPETENCIAS

### 3.1.- COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS QUE LOS ESTUDIANTES DEBEN ADQUIRIR DURANTE SUS ESTUDIOS Y QUE SON EXIGIBLES PARA OTORGAR EL TÍTULO

Deben describirse las competencias básicas del RD 1393/2007 (CBnúmero), las competencias generales (CGnúmero), las competencias transversales (CTnúmero) y las competencias específicas (CEnúmero).

#### COMPETENCIAS BÁSICAS: (las establecidas en el RD 1393/2007)

CB.06. Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de

investigación.

- CB.07. Que los estudiantes sepan aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio.
- CB.08. Que los estudiantes sean capaces de integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios.
- CB.09. Que los estudiantes sepan comunicar sus conclusiones y los conocimientos y razones últimas que las sustentan a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades.
- CB.10. Que los estudiantes posean las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo.

**COMPETENCIAS GENERALES: (CG1, CG2, etc...)**

- CG01.- Saber aplicar la teoría a la práctica.
- CG02.- Aplicar los conocimientos adquiridos y desarrollar la capacidad de plantear nuevas hipótesis.
- CG03.- Aprender a analizar, interpretar y comunicar las conclusiones.
- CG04.- Saber buscar y seleccionar fuentes impresas y digitales en las lenguas relevantes para el ámbito científico.
- CG05.- Adquirir capacidad de análisis crítico y de expresión escrita, oral y visual.
- CG06.- Desarrollar la capacidad de organizar, gestionar y planificar.
- CG07.- Desarrollar habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de forma individual.
- CG08.- Adquirir una base sólida de conocimiento científico de base que permita una capacidad de agilidad intelectual.
- CG09.- Adquirir un conocimiento profundo de técnicas en diversos campos de investigación y aplicación de la Biología.
- CG10.- Desarrollar capacidades para aplicar conocimientos a entornos nuevos, especialmente en contextos multidisciplinares.
- CG11.- Desarrollar la curiosidad científica, de la iniciativa y la creatividad.
- CG12.- Desarrollar las capacidades de trabajo en equipo, enriquecidas por la pluridisciplinariedad. Adquirir capacidad de difusión y divulgación de ideas en contextos tanto académicos como no especializado.

**COMPETENCIAS TRANSVERSALES: (CT1, CT2, etc...)**

- CT1.- Adquirir capacidad para promover el progreso y desarrollar y fomentar el espíritu emprendedor.
- CT2.- Desarrollar actitudes para fomentar y garantizar el respeto a los Derechos Humanos y a los principios de accesibilidad universal, igualdad, no discriminación y los valores democráticos y de la cultura de la paz.

**COMPETENCIAS ESPECÍFICAS: (Sólo se relacionarán las que deben adquirir todos los estudiantes del título, por lo tanto las asociadas a las materias obligatorias) (CE1, CE2, etc...)**

CE1.- Conocer las distintas técnicas de secuenciación masiva para la obtención de genomas y metagenomas.

CE2.- Conocer los distintos algoritmos y protocolos de análisis y comparación de datos genómicos y metagenómicos de secuenciación masiva, así como la interpretación de los resultados.

CE3.- Obtener habilidades prácticas para el uso de las distintas herramientas informáticas para el procesamiento, análisis e integración de datos genómicos y metagenómicos de secuenciación masiva.

CE4.- Adquirir conocimiento y habilidades prácticas de uso de las distintas bases de datos genómicos y metagenómicos.

CE5.- Adquirir capacidad de planificación de un estudio genómico y metagenómico de una comunidad microbiana (recogida de muestra, secuenciación y análisis).

CE6.- Adquirir conocimiento de las distintas técnicas de altas prestaciones para la medición del transcriptoma y el epigenoma.

CE7.- Aprender a manejar las bases de datos ómicos y conocer los distintos algoritmos y protocolos de análisis e integración de cantidades masivas de datos transcriptómicos y epigenómicos.

CE8.- Obtener capacidad de planificación de un estudio transcriptómico y epigenómico y aprender el uso de herramientas software para el procesamiento de cantidades masivas de estos datos.

CE9.- Adquirir conocimiento de los métodos estadísticos y lenguajes de programación estadísticos para el análisis integrativo de datos ómicos.

CE10.-Adquirir una formación fundamental en las técnicas estadísticas para el el análisis integrado de datos ómicos y de biología de sistemas.

CE11.- Poseer las habilidades estadísticas e informáticas para obtener, analizar, interpretar e integrar datos ómicos, y para entender los modelos y métodos estadísticos de integración aplicados.

CE12.- Aprender los fundamentos y conceptos básicos de los sistemas de ecuaciones diferenciales usados en modelización de sistemas biológicos

CE13.- Obtener habilidades prácticas para el uso de las distintas herramientas de software para la especificación, simulación y análisis de modelos basados en ecuaciones diferenciales.

CE14.- Conocer los fundamentos, conceptos básicos y el uso de herramientas de software para el estudio de los sistemas multiagentes en modelización de sistemas biológicos.

CE15.- Conocer los fundamentos y conceptos básicos de teoría de redes así como habilidades prácticas para el uso de las distintas herramientas software genéricas para el análisis y

visualización de redes.

CE16.- Aprender el uso de los algoritmos y protocolos para la reconstrucción de redes transcripcionales y redes de co-expresión génica a partir del procesamiento de datos transcriptómicos y epigenómicos.

CE17.- Obtener habilidades prácticas para el uso de las distintas herramientas software específicas para la reconstrucción de redes transcripcionales y redes de co-expresión génica.

CE18.- Conocer la metodología para la reconstrucción de redes metabólicas a escala genómica.

CE19.- Conocer los principios matemáticos para la obtención de modelos metabólicos y los métodos y herramientas computacionales para su análisis.

CE20.- Realizar predicciones in silico para analizar el fenotipo metabólico mediante MATLAB (CobraToolbox)

CE21.- Adquirir la formación necesaria para utilizar el análisis de redes basado en restricciones en diferentes aplicaciones

CE22.- Conocer los fundamentos y conceptos básicos de la ingeniería metabólica y biología sintética para su aplicación en la mejora de cepas.

CE23.- Conocer las principales estrategias de modificación genética utilizadas en ingeniería metabólica para la optimización de cepas.

CE24.- Ampliar y aplicar el conocimiento sobre análisis de modelos metabólicos a escala genómica para la predicción de fenotipos mejorados.

CE25.- Conocer el ciclo de especificación, diseño e implementación guiado por modelos matemático/computacionales de componentes, partes y sistemas en biología sintética.

## 4.- ACCESO Y ADMISIÓN DE ESTUDIANTES

### 4.1.- SISTEMAS DE INFORMACIÓN PREVIA A LA MATRICULACIÓN Y PROCEDIMIENTOS ACCESIBLES DE ACOGIDA Y ORIENTACIÓN DE LOS ESTUDIANTES DE NUEVO INGRESO PARA FACILITAR SU INCORPORACIÓN A LA UNIVERSIDAD Y LA TITULACIÓN

#### *Por la Universidad de Sevilla*

#### **A. Sistema de orientación y tutoría de la Universidad de Sevilla (US-Orienta)**

Este sistema incluye todas las acciones y programas de orientación de la Universidad de Sevilla. Entre ellas, recoge un conjunto de actividades dirigidas a proporcionar al alumnado universitario una información exhaustiva sobre las distintas titulaciones oficiales de posgrado ofrecida por la Universidad de Sevilla. Las actividades principales desarrolladas por el programa de orientación son las siguientes:

##### *1.1. Salón de estudiantes*

Aunque las puertas abiertas están enfocadas a un público preuniversitario, la asistencia de un alto número de estudiantes universitarios ha llevado a incluir como colectivo de orientación a también a los estudiantes de grado. El Salón de Estudiantes y Ferisport, organizados por la Universidad de Sevilla, es uno de los eventos con mayor relevancia de nuestra Universidad de cara a la transición del alumnado preuniversitario dentro de las actuaciones del Área de Orientación del Vicerrectorado de Estudiantes.

##### *1.2 Jornadas de puertas abiertas:*

Estas Jornadas se organizan en cada centro para presentar su oferta académica. La Escuela Internacional de Posgrado organizará, en el marco de las actuaciones de la Universidad de Sevilla Jornadas de Puertas abiertas dirigidas a estudiantes de Grado, con objeto de presentar su oferta de estudios de Posgrado. Este tipo de actuaciones se incluyen en los Planes de Orientación y Acción Tutorial de los centros.

*1.3. Participación en ferias nacionales e internacionales:* La Universidad de Sevilla, a través del Vicerrectorado de Ordenación Académica, Estudiantes y Relaciones Internacionales, participan en ferias de orientación en lugares de procedencia de su alumnado, especialmente en el seno de la Comunidad Autónoma Andaluza, en Madrid y en el extranjero).

1.4. Participación en otras actividades de información y orientación que se propongan desde el Sistema de orientación y tutoría de la Universidad de Sevilla (US-Orienta).

1.5. Canal TVUS-Orienta. Ofrece la posibilidad de editar clips informativos sobre los estudios universitarios.

1.6. Por último, la Escuela Internacional de Posgrado dispone de un mostrador de atención e Información previa a la matrícula, localizado en su sede del Pabellón de México, Paseo de las Delicias, 41013, Sevilla (Planta baja).

#### **B. Información en Internet**

Con el fin de ayudar a los alumnos a configurar de forma adecuada y personalizada su

formación de posgrado, la Universidad de Sevilla elabora materiales de información y orientación destinados a alumnos que acceden a la Universidad, entre los cuales se encuentra la Guía de Titulaciones de la Universidad de Sevilla, accesible desde la dirección web: <https://www.us.es/estudiar/que-estudiar/oferta-de-grados>

Por otro lado, la Universidad de Sevilla tiene un Portal Web de Máster Universitario, donde se ofrece información detallada de la oferta de Títulos de posgrado oficiales, el perfil esperado, criterios de acceso, especialidades, centros responsables, TFM y prácticas, etc. Dicho portal está disponible en la dirección web: <https://www.us.es/estudiar/que-estudiar/oferta-de-masters>

Igualmente en el Portal Web de esta Universidad existe un apartado de Acceso y Matrícula donde se puede obtener información actualizada sobre la reglamentación de aspectos relevantes para los alumnos y futuros alumnos universitarios, como pueden ser los procesos de acceso, admisión y matrícula. La dirección web donde se encuentra disponible: <https://www.us.es/estudiar/acceso-matricula>

Por otro lado, en el procedimiento P9 del Sistema de Garantía de Calidad del Título (apartado 9) se establece el mecanismo que se debe seguir en la Universidad de Sevilla para publicar la información sobre el plan de estudios, su desarrollo y sus resultados. La aplicación de dicho procedimiento garantiza, entre otras cuestiones relacionadas con la difusión del título, la existencia de un sistema accesible de información previa a la matriculación. La Universidad de Sevilla mantiene un portal de Másteres oficiales destinado a estudiantes potenciales de posgrado, que incluye información sobre acceso a las titulaciones de posgrado de la Universidad, Guía de titulaciones, planes de estudio y asignaturas, Becas, Alojamiento y Actividades de orientación

### **C. Revista y folletos de orientación dirigidos a estudiantes potenciales**

La Escuela Internacional de Postgrado de la Universidad de Sevilla edita folletos informativos dirigidos a estudiantes potenciales de posgrado. Sus contenidos en formato electrónico, también se encuentran disponibles en la Web de los estudios de Máster oficial de la Universidad de Sevilla.

### **D. Perfil de ingreso**

El Máster en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas está dirigido a aquellas personas interesadas en adquirir una adecuada formación computacional que les permitan analizar datos biológicos de gran volumen a fin de resolver los grandes retos de las ciencias de la vida.

Los estudiantes de nuevo ingreso en el Máster en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas, podrán presentar dos perfiles diferentes, por un lado el de aquellas personas que tengan conocimientos y capacidades relacionadas con las ciencias de la vida o de la salud, y en el segundo o con las que tengan conocimientos tecnológicos relacionados con las ciencias de la información. Así, para el primero de los casos, ese perfil se ajustaría con el que presentan los doctores, licenciados y graduados en Biología, Bioquímica, Biotecnología, Medicina o Biomedicina. El segundo perfil corresponde principalmente al que presentan los titulados en Ingeniería Informática, Matemáticas, Estadística y Física. No obstante, la solicitud de ingreso

por otro profesional que demuestre conocimientos específicos en estas áreas será tenida en cuenta por la Comisión de Acceso del máster. No existen pruebas específicas de acceso. Los criterios de valoración de méritos atenderán en primer lugar a los perfiles más afines al máster (titulaciones antes mencionadas), y dentro de ellos a los requisitos que se concretan en la Tabla que se muestra más abajo.

### ***Por la Universidad Internacional de Andalucía***

-

#### **1. Creación y mantenimiento de una página web.**

- a. **Web específica para la oferta de títulos de posgrados.** En esta web, se dispondrá de información acerca de la oferta, el acceso la matrícula, becas y ayudas, calendario, precios públicos, documentación necesaria y el enlace a la web de Distrito Único Andaluz (DUA), en todas las universidades, tanto en la UNIA como en las restantes universidades.
- b. **Web específica del Máster.** Esta página web se concibe principalmente como un mecanismo de difusión e información, pero también como una vía de comunicación entre los estudiantes y los responsables académicos del Máster. Esta página informará sobre los siguientes aspectos: (i) descripción del título, (ii) objetivos y competencias, (iii) profesorado, (iv) estructura académica del master, (v) explicación del proceso de enseñanza –aprendizaje, especialmente en el entorno a distancia pero con teledocencia de *Adobe Connect* y en el uso del Campus Virtual *Moodle*, (vi) criterios de acceso y admisión, (vii) calendario del Máster, indicando exactamente el período de las clases, (viii) Preinscripción y matrícula, (ix) reconocimiento de créditos, (x) sugerencias, reclamaciones, (xi) calidad y seguimiento, (xii) resultados académicos, (xiii) memoria del plan de estudios, y (xiv) folleto informativo del master. Adicionalmente, la URL del Distrito Único Andaluz (DUA) también proporciona los criterios de admisión de todos los Másteres Oficiales ofertados por las Universidades Públicas de Andalucía.

#### **2. Publicidad.**

Aparte de la página web el Máster, también se anunciará el título a través de folletos publicitarios y cartelería, que incluirán la información más importante y remitirán a la citada página web. Este material publicitario se distribuirá entre las universidades participantes y el resto de universidades andaluzas, nacionales y extranjeras (en particular de Iberoamérica). No obstante, en aras de la sostenibilidad y la eficiencia económica, se tratará de reducir al máximo la producción de materiales publicitarios en papel y, en cambio, se potenciará la difusión on-line. Para ello se utilizarán las siguientes vías de difusión:

- a. Portales de difusión digital.
- b. Listados y *mailings* a futuros estudiantes que los hayan autorizado en virtud del cumplimiento de las actuales leyes de protección de datos (Ley Orgánica 3/2018, de 5 de diciembre de Protección de Datos personales y garantía de los derechos digitales).
- c. *Mailing* a las universidades miembros del Grupo de Universidades Iberoamericanas La Rábida.

- d. Participación en ferias educativas dentro y fuera de España, de acuerdo con las directrices del Vicerrectorado de Estudiantes y el de Internacionalización de todas las universidades (Europosgrado en Chile, Argentina, Perú, México, ...).

### **3. Redes sociales.**

De acuerdo con la filosofía de inmersión en el mundo de las Tecnologías y la Comunicación, este Máster también utilizará como vías de difusión las redes sociales, y en particular, Facebook y Twitter.

### **4. Oficinas de información y atención a los estudiantes.**

Todas las universidades disponen de una Oficina de Información al Estudiante. En el caso de la Universidad Internacional de Andalucía, esta tarea se realiza a través del Servicio de alumnos que está ubicado en cada uno de sus 4 campus: Sevilla, La Rábida –Huelva-, Málaga y Baeza –Jaén.

Independientemente del medio utilizado para la difusión, el principal objetivo de estos sistemas de información será proporcionar de forma clara y atractiva, a cualquier estudiante potencial, la mayor información posible sobre el Máster en cuestión y las universidades que lo promueven. En particular, se especificará claramente la modalidad de impartición del Título, indicando el período del calendario docente. Asimismo, se describirán minuciosamente las enseñanzas y servicios ofertados y los métodos docentes utilizados, así como los criterios evaluadores y los procedimientos establecidos para garantizar una alta calidad de los resultados.

Además de lo anterior, toda la información relacionada con la preinscripción y matrícula en el Máster Interuniversitario en cuestión, así como los plazos establecidos estará regulado, en sus aspectos generales, por el Acuerdo de la Comisión del DUA (Distrito Único Andaluz) por el que se establece el procedimiento para el ingreso en los Másteres Universitarios para cada curso académico. Al respecto, pueden consultarse los siguientes enlaces web:

<http://www.juntadeandalucia.es/economiayconocimiento/sguit/>

<http://www.juntadeandalucia.es/economiayconocimiento/sguit/?q=masteres>

Ambos enlaces están disponibles para todos los estudiantes que desean acceder a la Universidad en sus distintos niveles, incluido el Máster Universitario Oficial. En ellos se proporciona información completa sobre los requisitos que deben reunir los solicitantes, así como la forma de obtenerlos, y sobre los procedimientos de admisión y de cómo se ordenan las solicitudes. Igualmente, contiene la ficha del Máster donde se resumen las características del mismo y del enlace a la web del Título. Durante el plazo de los distintos procesos de admisión, el estudiante puede acceder a la presentación telemática de solicitudes, a los resultados de las diversas adjudicaciones y, en su caso, puede hacer reserva de plaza, desistimiento o participar en las listas de resultas.

En lo que se refiere a la accesibilidad de los sistemas de información, cada una de las universidades participantes dispone de una página web donde se recoge, de forma pormenorizada, toda la información relativa a esta cuestión, incluyendo información académico-administrativa, estudios, recursos, formación y servicios complementarios, movilidad, etc. En el caso de la Universidad Internacional de Andalucía, estos aspectos pueden consultarse en: <http://unia.es/oferta-academica/masteres-oficiales>

## **4.2.-CRITERIOS DE ACCESO Y CONDICIONES O PRUEBAS DE ACCESO ESPECIALES**

El acceso al máster interuniversitario en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas podrá realizarse a través de la la Universidad de Sevilla que ofertará 20 plazas o por la Universidad Internacional de Andalucía que ofertará 10 plazas.

Ni la Universidad de Sevilla ni la Universidad Internacional de Andalucía disponen de una normativa específica propia sobre el acceso y admisión a los Másteres Universitarios, dado que, como se ha dicho anteriormente, a los únicos efectos del ingreso en los centros universitarios, todas las Universidades públicas andaluzas se constituyen en un distrito único.

### **4.2.1. Criterios de acceso**

De acuerdo con lo previsto en el artículo 16 del Real Decreto 1393/2007, de 29 de octubre, modificado por el Real Decreto 861/2010, con carácter general podrán acceder a enseñanzas oficiales de Máster quienes reúnan los requisitos exigidos:

- Estar en posesión de un título universitario oficial español u otro expedido por una institución de educación superior perteneciente a otro Estado integrante del Espacio Europeo de Educación Superior que faculte en el mismo para el acceso a enseñanzas de Máster.
- Asimismo, podrán acceder los titulados conforme a sistemas educativos ajenos al Espacio Europeo de Educación Superior sin necesidad de la homologación de sus títulos, previa comprobación por la Universidad de que aquellos acreditan un nivel de formación equivalente a los correspondientes títulos universitarios oficiales españoles y que facultan en el país expedidor del título para el acceso a enseñanzas de postgrado. El acceso por esta vía no implicará, en ningún caso, la homologación del título previo de que esté en posesión el interesado, ni su reconocimiento a otros efectos que el de cursar las enseñanzas de Máster.

### **4.2.2 Admisión**

El artículo 17 del Real Decreto 1393/2007, modificado por el Real Decreto 861/2010, regula la admisión a las enseñanzas de Máster y establece que los estudiantes podrán ser admitidos conforme a los requisitos específicos y criterios de valoración que establezca la Universidad.

Por otra parte, de acuerdo con las previsiones del Art. 75 de la Ley 15/2003 Andaluza de Universidades, a los únicos efectos del ingreso en los centros universitarios, todas las Universidades públicas andaluzas se constituyen en un distrito único. En consecuencia los procesos de admisión de alumnos se realizan de acuerdo con los criterios que establezca la Comisión de Distrito Único Andaluz, considerándose en los mismos la existencia de estudiantes con necesidades educativas específicas derivadas de discapacidad. Según las disposiciones del Distrito Único Universitario de Andalucía por las que se establece el procedimiento para el ingreso en los Másteres universitarios, el criterio de prelación en la adjudicación de plazas tendrá en cuenta “los requisitos de admisión y los criterios en el orden de preferencia que para cada Máster se haya establecido en la correspondiente memoria de implantación, o en su defecto, por la comisión Académica correspondiente”.

La Comisión Académica del Máster establecerá y aplicará los criterios de selección, siempre respetando los principios de mérito e igualdad de oportunidades.

Los criterios de valoración de méritos atenderán en primer lugar a los perfiles más afines al máster (titulaciones mencionadas en el perfil de ingreso), y dentro de ellos a los requisitos que se concretan en la Tabla que se muestra más abajo.

En caso de haber más candidaturas que plazas, éstas se ordenarán según una valoración que tendrá en cuenta los siguientes criterios:

El criterio de mayor peso en el proceso de admisión será la nota media del expediente académico de la titulación del solicitante, en segundo lugar, el *currículum vitae* en el que se considerará la experiencia laboral, la participación en cursos, y becas y premios obtenidos. Por último se tendrá en cuenta el nivel de idioma. Este último se valorará con una importancia del 10% la acreditación de un nivel de inglés B2 (o equivalente en otros sistemas) y además, para el caso de alumnos extranjeros, un nivel de español B2. Estos requerimientos lingüísticos se justifican ya que en algunas de las sesiones del máster o bien el profesorado expondrá en lengua no española, o bien los documentos utilizados serán en lengua inglesa, lo que con este criterio se garantiza el correcto seguimiento de los cursos del máster. Por último, en caso de duda la Comisión Académica, responsable de evaluar las solicitudes de admisión, se reserva la posibilidad de realizar una entrevista personal a los candidatos.

Tabla de los Criterios de Admisión

Titulación Preferente	Peso en los criterios de admisión
<i>Expediente Académico</i>	70%
<i>Curriculum vitae</i>	20%
<i>Nivel de idiomas</i>	10%

Ordenados los estudiantes que solicitan la admisión con arreglo a los criterios de valoración antedichos, serán admitidos tantos solicitantes como plazas se oferten, por estricto orden de prelación. En caso de que se produzcan renuncias, podrán optar a la admisión los solicitantes no seleccionados en primera instancia, otra vez de acuerdo a su orden de méritos.

**4.3.- SISTEMAS DE APOYO Y ORIENTACIÓN DE LOS ESTUDIANTES UNA VEZ MATRICULADOS**

Según establece la Ley Orgánica 6/2001, de 21 de diciembre, de Universidades, en su artículo 46.2.e), uno de los derechos de los estudiantes hace referencia al “asesoramiento y asistencia por parte de los profesores y tutores en el modo que se determine”. En este marco se reconoce la importancia de las labores de orientación y tutorización dentro del sistema universitario actual. La impartición de los Másteres interuniversitarios incide particularmente en la necesidad, dentro de una universidad moderna y cada vez mejor orientada en su labor de proyección social, de procurar medios de atención a los usuarios, tanto reales como potenciales, para con ello potenciar la cercanía a los estudiantes mediante la tutorización curricular y el apoyo académico personalizado, así como establecer mecanismos para su orientación profesional hacia el ámbito de la investigación. Con este fin, se pretende implicar a los distintos agentes de la universidad para, de este modo, conseguir una formación lo más

integral posible del estudiante.

Como ya se ha comentado anteriormente, por parte de la Comisión del Distrito Único Universitario de Andalucía, se ofrece toda la información relacionada con los procedimientos de preinscripción y admisión en los Másteres Universitarios ofertados por las Universidades públicas de Andalucía. Dichos procedimientos se regularán para cada curso académico por Acuerdo de la Comisión del Distrito Único Universitario de Andalucía. Al respecto, pueden consultarse los siguientes enlaces web, los cuales estarán también disponibles en las páginas web de las Universidades participantes:

<http://www.juntadeandalucia.es/economiaconocimiento/sguit/>

<http://www.juntadeandalucia.es/economiaconocimiento/sguit/?q=masteres>

Con respecto a la orientación de los estudiantes que realizará la **Universidad de Sevilla**, con independencia de los programas de tutela que como centro iniciemos, se ha puesto en marcha un sistema general de tutela de estudiantes para garantizar el seguimiento de los mismos, su orientación curricular, académica y personal, así como fomentar su integración en la vida universitaria. Igualmente, estos programas se ocuparán progresivamente de la orientación profesional a medida que los estudiantes se aproximen a la finalización de sus estudios.

A continuación se resumen las principales actividades:

#### **A. Procedimiento de acogida a los nuevos estudiantes**

El procedimiento de acogida y orientación de los nuevos estudiantes serán similar al que se organiza en la actualidad, consistente en una Jornada de Inauguración y presentación de los Estudios

#### **B. Seguimiento y orientación de los alumnos**

El seguimiento y orientación especial de alumnos se realizará a través del Plan de Acción Tutorial de la Universidad de Sevilla

1. El Plan de acción tutorial incluido en el Plan Propio de Docencia de la Universidad de Sevilla <https://ppropiodocencia.us.es/>
2. El Secretariado de Prácticas en Empresas y Empleo (<http://servicio.us.es/spee/>).
3. El Servicio de Orientación Profesional (<http://servicio.us.es/spee/empleo-servicio-orientacion>).
4. Asesoría Pedagógica del Servicio de Asistencia a la Comunidad Universitaria (<http://sacu.us.es/>).
5. Sistemas de información generados por la Asesoría Psicológica (Servicio de Asistencia a la Comunidad Universitaria). Esta Asesoría, además de atención individualizada para todos los miembros de la Universidad, desarrolla las siguientes actividades:

- **Rendimiento Académico.**

Actividad formativa dirigida a proporcionar a los alumnos las herramientas necesarias para el correcto afrontamiento de contenidos que, por su propia naturaleza compleja, requiere distintas estrategias de abordaje. Esta acción

formativa se lleva a cabo en dos momentos distintos del curso escolar: en primera instancia se organiza para los alumnos de nuevo ingreso de los 25 centros propios de la Universidad durante el mes de septiembre, antes del comienzo del curso. En este momento el denominado “Curso para la mejora del Rendimiento Académico en la Universidad”, se erige como actividad de libre configuración y reconoce, por tanto, a sus participantes créditos de formación, con la peculiaridad de que los docentes de dicho curso se forman realizando el curso específico de libre de configuración con una carga de 60 horas titulado “Las técnicas de trabajo intelectual en la universidad. El desarrollo de un programa de intervención para la mejora del rendimiento académico de alumnos de nuevo ingreso”. En segunda instancia, y con el objetivo de abarcar al mayor número posible de beneficiarios – especialmente los que se incorporan más tarde y no asistieron entonces- , a lo largo del curso se organizan seminarios en los centros donde se haya conformado demanda suficiente.

• **Asesoramiento Vocacional**

Dirigido a preuniversitarios, universitarios y egresados, se ofrece a los usuarios información sistematizada, actualizada y exhaustiva acerca de las posibilidades de educación superior en titulaciones pertenecientes a universidades públicas y privadas, así como las referidas a los Grados Medio y Superior de Formación Profesional, Másteres oficiales, estudios de postgrado y Títulos Propios de las universidades; todo ello tanto en el ámbito de nuestro territorio nacional como en el extranjero, conjugando variables prácticas tales como las compatibilidades u opciones preferentes en función de la opción elegida en Bachillerato, además de lo referido a becas, cursos, seminarios, premios y prácticas. Dicha información se concreta aportando datos acerca de las asignaturas que componen cada ciclo, grado de dificultad de las mismas y salidas profesionales potenciales. Nos basamos para ello en su software específico que incluye valoraciones de estudiantes, profesores y profesionales relacionados con cada titulación.

Además el alumnado recibirá información continua mediante las siguientes vías:

- Página web de la Universidad de Sevilla.
- Página web propia del Máster.
- Plataforma de enseñanza virtual de la Universidad de Sevilla.

En la **Universidad Internacional de Andalucía** antes de pasar a la orientación que el alumno recibirá una vez esté matriculado, el personal de administración y servicios de la UNIA proporcionará al estudiante el apoyo administrativo necesario para la realización óptima del proceso de admisión y matriculación. Este apoyo se realizará por medio de atención presencial en el campus universitario, telefónicamente o por correo electrónico, con información guiada en la red para la matriculación on-line.

La UNIA establece para todos y cada uno de sus títulos oficiales de Máster de carácter interuniversitario un plan de acogida y tutela específico y directamente vinculado al funcionamiento de su Campus Virtual, que incluye a todo el alumnado con independencia de la institución en la que se haya efectuado la matrícula. El Campus Virtual de la UNIA, que sirve de apoyo para la totalidad de la docencia, pone a disposición del estudiante varias

herramientas TICs que facilitarán el proceso de aprendizaje individual y colectivo durante todo el desarrollo del Máster. En el apartado de recursos informáticos de esta memoria se detalla con mayor precisión el contenido de esta plataforma (<http://campusvirtual.unia.es>).

El plan de acogida y tutela se llevará a cabo de forma coordinada con el resto de universidades que imparten el título y la Comisión Académica del Máster, de la que forman parte representantes de todas las universidades participantes.

Se puede resumir en el siguiente cronograma de actuación:

- Primera Fase: Presentación del propio Campus Virtual y sus recursos. Los estudiantes del Máster reciben, una vez matriculados en la plataforma de enseñanza-aprendizaje online de la UNIA, donde se imparte el programa (<http://eva.unia.es>), un **email de bienvenida** por parte del Área de Innovación, que incluye instrucciones para acceder al campus virtual como estudiantes, acceso a tutoriales y guías de ayuda y alguna información acerca de la estructura modular del programa en el campus y los recursos para el aprendizaje que hallará en el mismo.

En dicho correo se proporciona además **información de contacto con el Centro de Atención** al Usuario ([cau.virtual@unia.es](mailto:cau.virtual@unia.es)), servicio que está a disposición de los estudiantes para consultas técnicas relacionadas con el uso del Campus Virtual.

En el Campus Virtual, el alumnado dispondrá de toda la información necesaria para su correcto uso. Entre los materiales colgados en este Campus Virtual, aparecerán los manuales de uso del Campus y manejo en la enseñanza on-line, como, por ejemplo:

- Tutoriales y recursos de ayuda (<https://eva.unia.es/course/view.php?id=1467>);
- FAQ's (<https://eva.unia.es/mod/glossary/view.php?id=55390>);
- Instrucciones para el uso el aula virtual para videoconferencias (<https://eva.unia.es/course/view.php?id=2047>).

Asimismo, el Campus Virtual de la UNIA permite al alumnado hacer uso de dicha plataforma para desarrollar foros, wikis y charlas haciendo uso por ejemplo de su cafetería virtual. Dichos mecanismos permiten el intercambio y comunicación de información, experiencias, problemática similar, creación de grupos y por consiguiente la integración de dicho alumnado.

- Segunda Fase: Una vez que el alumno esté familiarizado con el manejo del Campus Virtual, la Comisión Académica del Máster proporcionará a través del mismo toda la información necesaria acerca de los contenidos académicos del Máster, estructura del Plan de Estudios, carácter de las asignaturas, características del TFM, plazos de presentación, posibilidad de reconocimiento o transferencia de créditos, etc.
- Tercera Fase: La Comisión Académica del Máster asignará a cada estudiante un Tutor Orientador para que, en lo sucesivo, asuma funciones básicas de asesoramiento, orientación e información personalizada.
- Cuarta Fase: Los coordinadores de asignaturas se pondrán en contacto a través del Campus

Virtual con el alumnado matriculado a fin de informar acerca del temario global, materias impartidas por cada profesor, procedimiento de coordinación, mecanismos de evaluación, plazos, etc. Al ser ésta una información proporcionada básicamente a través del Campus Virtual y no a través de una convocatoria puntual de acogida, como ocurre en la enseñanza presencial convencional, tiene la virtud, además, de ser permanente, de tal forma que, en cualquier momento en que lo necesite, el alumnado puede recurrir a ella.

Por otro lado, en la **página web del título** se dispone de la información y los enlaces necesarios para la resolución de problemas técnicos o administrativos. Igualmente, se dispone de un Buzón de Quejas, Sugerencias y Felicitaciones. Además, contará con una dirección específica de **contacto**, que está abierta a cualquier consulta sobre las diversas cuestiones organizativas y de contenido.

La página web donde pueden hallarse los servicios de apoyo de la UNIA es la siguiente: <http://unia.es/oferta-academica/masteres-oficiales>

De forma resumida, sintetizamos los principales servicios de atención al alumnado que ofrece cada una de las Universidades participantes.

#### 1. APOYO Y ORIENTACIÓN EN TEMAS NO ESTRICTAMENTE ACADÉMICOS:

##### SERVICIO DE ATENCIÓN AL ESTUDIANTE DE LA UNIVERSIDAD INTERNACIONAL DE ANDALUCÍA

Esta labor es desarrollada por el personal de los diferentes servicios de la UNIA. Para ello se disponen de mecanismos de atención a distancia, telefónica y telemática. Los estudiantes podrán consultar todas aquellas cuestiones que consideren oportunas en diferentes categorías: gestión académica, orientación profesional, becas y ayudas, vida estudiantil, etc. Dichas cuestiones serán remitidas a los responsables de cada categoría para su pronta respuesta. La Universidad Internacional de Andalucía podrá determinar en función del número de consultas y sus temáticas la posibilidad de poner en marcha acciones encaminadas a dar respuesta a las cuestiones con mayor demanda. Acciones tales como cursos complementarios, charlas, etc.

Asimismo, el campus virtual de la UNIA permite al alumnado hacer uso de dicha plataforma para desarrollar foros, wikis y charlas haciendo uso, por ejemplo, de su cafetería virtual. Dichos mecanismos permiten el intercambio y comunicación de información, experiencias, problemáticas similares, así como creación de grupos y, por consiguiente, la integración de dicho alumnado.

La Universidad Internacional de Andalucía responde a las necesidades, demandas e intereses de su alumnado. Para ello, cuenta con una serie de **Servicios administrativos de atención al estudiante** en cada una de sus Sedes que, junto con la Oficina de Estudios de Posgrado, tratan de lograr dicha meta. Las acciones que se desarrollan son, además de la gestión administrativa de los distintos procedimientos directamente relacionados con los estudiantes (matrícula, beca, reconocimiento de créditos, expedición de títulos, prácticas de inserción laboral, movilidad, etc.), proporcionar asesoramiento e información sobre legislación, recursos y procedimientos en general.

Por otro lado, la Universidad Internacional de Andalucía es una institución comprometida con la defensa de la igualdad en todos los niveles y ámbitos, de ahí que cuente con la **Unidad de Igualdad**. Ésta entró en funcionamiento en el año 2010, tras ser aprobada su creación en Consejo de Gobierno en sesión de 10 de marzo de dicho año, y siguiendo las directrices del Plan Estratégico de la Universidad Internacional de Andalucía. La Unidad de Igualdad de la UNIA se constituye como una estructura para el desarrollo de las funciones relacionadas con el principio de igualdad de oportunidades y de trato entre mujeres y hombres en todos los ámbitos universitarios: la docencia, el aprendizaje, la investigación, la innovación y la gestión. Su misión es elaborar y desarrollar los programas necesarios para impulsar las políticas de igualdad en esta universidad y coordinar las acciones específicas que puedan desarrollar en este ámbito los distintos órganos y servicios universitarios. Entre sus objetivos destacan:

- Informar, sensibilizar y formar a la comunidad universitaria.
- Elaborar diagnósticos sobre la situación de la igualdad de género en la UNIA.
- Proponer a los órganos que correspondan, la aprobación de Planes de Igualdad que incluyan acciones positivas para mejorar los posibles desequilibrios que se detecten en el diagnóstico.
- Realizar acciones transversales para la inserción de la perspectiva de género en los programas académicos que desarrolla la Universidad.
- Participación en la aplicación del protocolo para la prevención y tratamiento del acoso sexual, acoso por razón de sexo, orientación sexual e identidad de género de la Universidad.
- Trabajo en red con otras Unidades de Igualdad a nivel local, estatal, europeo e internacional.

La Universidad Internacional de Andalucía viene participando en el Programa “**Cátedras Andalucía Emprende**”. Este Programa se estructura con la finalidad promover y fomentar la cultura y la actividad emprendedora y empresarial en el ámbito de la comunidad universitaria andaluza, en cuatro áreas básicas de actuación: a) Cultura emprendedora, para informar, sensibilizar y proponer la opción emprendedora como proyecto profesional; b) Capacitación emprendedora, para desarrollar conocimientos y capacidades para emprender e innovar; c) Creación y desarrollo empresarial, para aportar apoyo, asesoramiento especializado e incubación y tutoría avanzada a nuevas iniciativas emprendedoras y empresariales; y d) Investigación, para conocer y mejorar el espíritu emprendedor andaluz, profundizar en el impacto de los programas de emprendedores y emprendedoras y promover la investigación vinculada al emprendimiento.

La Universidad Internacional de Andalucía, siendo consciente de la importancia del emprendimiento y autoempleo en la sociedad andaluza realiza un esfuerzo adicional, tanto en su oferta académica como a través del apoyo de sus servicios administrativos, para concienciar a los universitarios andaluces de la necesidad de concienciación y de la adquisición de habilidades y competencias en esta materia.

## **2. APOYO Y ORIENTACIÓN EN TEMAS ACADÉMICOS:**

La Comisión Académica del Máster posee una serie de instrumentos fundamentales para el apoyo y orientación del alumnado, donde resalta una **Jornada de acogida y presentación oficial del Máster**, con la participación del equipo de coordinación del Máster y diversos profesores del equipo docente del mismo. En las primeras sesiones del curso, el alumnado

recibirá cumplida información sobre todos los aspectos relativos a la organización del Máster. Será presentada la mayor parte del claustro de profesores/as intervinientes (profesores/as universitarios/as y profesionales del sector), así como todos los miembros de dirección y gestión del Máster. Se informará de los espacios en que se desarrollarán las sesiones presenciales. Igualmente, se pondrá en conocimiento del alumnado las diversas herramientas y servicios de utilidad para su estudio, tales como acceso y uso de la plataforma virtual Moodle, servicio de biblioteca, tarjeta universitaria, correo electrónico de cada universidad, etc. En estas primeras jornadas se precisará el calendario académico y se darán, igualmente, las primeras indicaciones relativas a la organización de las prácticas externas, trabajo de fin Máster, sistemas de evaluación aplicables, organización de optativas; y tratarán de resolverse los problemas de carácter administrativo que resten pendientes del proceso de preinscripción y matrícula. Con todo ello se pretende alcanzar una rápida integración de los nuevos estudiantes en el Máster, de forma que éste pueda empezar a impartirse y desarrollarse a pleno rendimiento y su alumnado pueda concentrarse de manera inmediata en su labor de estudio y aprendizaje.

Son objetivos de este punto la prevención del abandono y el fracaso académico, orientando y guiando al nuevo estudiante desde el inicio de los estudios, proporcionándoles conocimientos y entrenamiento necesarios en cuanto a las competencias y medios de apoyo y, en particular, sobre las competencias necesarias para ser un estudiante autónomo, el desarrollo del autoaprendizaje tutorizado, que es el elemento clave para el éxito en programas de educación a distancia y el buen uso de los medios de apoyo puestos a su disposición.

La metodología de información y asesoramiento, aparte de las reuniones con los estudiantes individualmente o en grupo, también hará uso de los siguientes instrumentos:

- Uso de correo electrónico profesor-estudiante integrado en la plataforma.
- Creación de listas de distribución.
- Uso de tabloneros de anuncios para proporcionar información relevante.
- Utilización del chat de la plataforma.
- Servicio de consulta a disposición del alumno.
- Material didáctico recomendado.
- Planificación y calendario propuesto para afrontar las acciones formativas.
- Informar acerca de las sesiones presenciales, objetivos, metodología y sistemas de evaluación de los talleres.
- Informar a los estudiantes de los mecanismos de coordinación interna del Máster: papel y composición de la Comisión Académica, función del Director/a, cometido de los tutores/orientadores y función de los coordinadores de cada asignatura y del coordinador de cada universidad participante.
- Informar a los estudiantes acerca de las prácticas curriculares, normativas que la regulan, así como los requisitos y período de realización de las mismas.
- Informar a los estudiantes de los requisitos para la elaboración y presentación del TFM, así como de su obligación de realizar una lectura pública del mismo.

Además, el Director/a del Máster tendrá la función de apoyar y procurar en todo momento la mejor integración y aprovechamiento académico por parte de los estudiantes, sin perjuicio de la posibilidad de establecer, conforme a la decisión que en cada caso se pueda tomar, programas individualizados o personalizados de tutorización para cada estudiante o grupo de

estudiantes a cargo de los responsables de cada módulo formativo.

Con el fin de promover la orientación profesional a los estudiantes, el Director/a se mantendrá informado e informará, a través de los estudios de egresados que lleven a cabo los servicios correspondientes de las Universidades u otros entes públicos o privados, sobre las posibles proyecciones profesionales de los estudios a su cargo. En este caso, su papel será ante todo el de dinamizador y orientador.

Todas las universidades participantes en el Máster disponen de la correspondiente unidad o servicio encargado de dar información, asesoramiento y apoyo a todas las personas pertenecientes a la comunidad universitaria que tengan algún tipo de discapacidad o necesidad específica. En particular, en la UNIA los objetivos que pretende cumplir son los siguientes:

- Facilitar la integración educativa y social de los estudiantes con necesidades educativas especiales.
- Contribuir a crear actitudes y expectativas favorecedoras para la integración de estudiantes con necesidades educativas especiales asociadas a una discapacidad.
- Facilitar, en la medida de lo posible, los recursos materiales, personales y funcionales de apoyo a la integración educativa y social.
- Fomentar una educación más integradora y plural en la que se contempla la diversidad como valor educativo, y que toma con referente el principio de igualdad de oportunidades.

#### 4.4.- TRANSFERENCIA Y RECONOCIMIENTO DE CRÉDITOS: SISTEMA PROPUESTO POR LA UNIVERSIDAD.

El Real Decreto 1393/2007, de 29 de octubre, por el que se establece la ordenación de las enseñanzas universitarias oficiales (modificado por Real Decreto 861/2010, de 2 de julio), indica en su artículo 6 que, con objeto de hacer efectiva la movilidad de estudiantes, tanto dentro del territorio nacional como fuera de él, las universidades elaborarán y harán pública su normativa sobre el sistema de reconocimiento y transferencia de créditos, con sujeción a los criterios generales establecidos en el mismo.

Atendiendo a estos criterios generales, podrán ser objeto de reconocimiento de créditos: (a) los créditos cursados en otras enseñanzas superiores oficiales o en enseñanzas universitarias conducentes a la obtención de otros Títulos, y (b) la experiencia laboral y profesional acreditada.

**Transferencia.** La transferencia de créditos consiste en incluir, en los documentos académicos oficiales del o la estudiante relativos a las enseñanzas en curso, la totalidad de los créditos obtenidos en enseñanzas oficiales cursadas con anterioridad, en la misma u otra universidad, que no hayan conducido a la obtención de un título oficial y que no puedan ser reconocidos en la titulación a la que accede. Los módulos, las materias o asignaturas transferidas al expediente académico de los nuevos títulos no se tendrán en cuenta para el cálculo de la baremación del expediente.

En los supuestos de simultaneidad de estudios, no serán objeto de transferencia los créditos obtenidos en los mismos, salvo que estos sean objeto de reconocimiento o el estudiante renuncie a dicha simultaneidad, por abandono de dichos estudios.

**Reconocimiento.** El reconocimiento de créditos supone la aceptación por una universidad de los créditos que, habiendo sido obtenidos en unas enseñanzas oficiales, en la misma u otra universidad, son computados en otras distintas a efectos de la obtención de un título oficial.

Particularmente, en este título de Máster podrán ser objeto de reconocimiento los créditos cursados en otras enseñanzas universitarias conducentes a la obtención de otros títulos a que hace referencia el artículo 34.1 de la Ley Orgánica 6/2001, de 21 de diciembre, de Universidades. Podrán obtener reconocimiento de créditos por materias previamente cursadas en función de la adecuación entre las competencias y conocimientos asociados a las materias superadas y los previstos en el plan de estudios de las enseñanzas del Máster.

De la misma manera, la experiencia laboral y profesional acreditada podrá ser también reconocida en forma de créditos que computarán a efectos de la obtención de un título oficial, siempre que dicha experiencia esté relacionada con las competencias inherentes a dicho título.

El número de créditos que sean objeto de reconocimiento a partir de experiencia profesional o laboral y de enseñanzas universitarias no oficiales no podrá ser superior, en su conjunto, al **15 por ciento del total** de créditos que constituyen el plan de estudios. El reconocimiento de estos créditos no incorporará calificación de los mismos por lo que no computarán a efectos de baremación del expediente. En todo caso no podrán ser objeto de reconocimiento los créditos correspondientes al Trabajo de Fin de Grado o Fin de Máster.

Se podrán reconocer créditos por experiencia profesional cuando se verifiquen los siguientes criterios:

1. Haber sido realizada con posterioridad a la obtención del título de grado.
2. Que se justifique con una memoria que la experiencia profesional ha permitido adquirir competencias del máster.

El máximo número de créditos que se puede reconocer sumando los dos apartados anteriores es de 9 créditos.

Orientativamente (a valorar por la Comisión Académica del Máster), se requiere un mínimo de 100 horas trabajadas por cada crédito ECTS solicitado para reconocimiento.

Respecto a las materias/asignaturas que podrán reconocerse en cada titulación:

1. Obligatorias (5 ECTS)
2. Optativas (4 ECTS)

El procedimiento para solicitar el reconocimiento de créditos por experiencia laboral será el establecido con carácter general en cada universidad:

1. Solicitud del interesado, aportando la documentación justificativa que se indica más adelante. La solicitud se podrá presentar en cualquier momento del curso académico.
2. Estudio de la solicitud por parte de la Comisión Académica del Máster y, si procede, por aquellos otros órganos que estén previstos en la normativa de cada universidad.
3. Resolución de la solicitud por el órgano competente en la universidad en la que el

estudiante haya realizado la matrícula.

4. Comunicación al interesado, indicando el precio público correspondiente a abonar.
5. Abono del precio público y gestión del reconocimiento de créditos en el expediente académico del interesado.
6. . Como documentación acreditativa de la actividad profesional se aportarán los siguientes documentos:
  - c. Contrato de Trabajo (si procede).
  - d. Vida Laboral u Hoja de Servicios.
  - e. Memoria de actividades profesionales, que incluya una descripción de las actividades profesionales desempeñadas durante el /los periodo/s de trabajo con una extensión máxima de 5 páginas. La Facultad podrá solicitar verificación de cualquier aspecto de dicha memoria y solicitar, en los casos que así se decida, una entrevista.

Esta memoria deberá presentar la siguiente información:

- Datos personales del estudiante y su titulación
- Nombre de la empresa y Breve información sobre la misma (nombre, ubicación, sector de actividad).
- Departamentos o unidades en las que se haya prestado servicio
- Formación recibida
- Descripción de actividades desarrolladas
- Competencias, habilidades y destrezas adquiridas a lo largo del periodo del ejercicio profesional

La Resolución de Reconocimiento y Transferencia de créditos reflejará el acuerdo de reconocimiento y transferencia de los créditos objeto de solicitud por parte del alumno. En ella deberán constar los créditos reconocidos y transferidos y, en su caso, las asignaturas o materias que deberán ser cursadas y las que no por considerar adquiridas las competencias de esas asignaturas en los créditos reconocidos, que emitirá la comisión nombrada a tal efecto para el reconocimiento y transferencia de créditos.

Todos los créditos obtenidos por el estudiante en enseñanzas oficiales cursadas en cualquier Universidad, los transferidos, los reconocidos y los superados para la obtención del correspondiente título serán incluidos en su expediente académico y reflejados en el Suplemento Europeo al Título. Cada universidad establecerá de forma anual los periodos de solicitud para el Reconocimiento y Transferencia de créditos.

Las solicitudes de reconocimiento de créditos serán informadas por la Comisión Académica del Máster y por aquellos otros órganos con competencias en másteres universitarios de la universidad en la que el alumno haya realizado su matrícula.

Cada una de las universidades que realizan esta propuesta ha elaborado y publicado la normativa de reconocimiento y transferencia de créditos atendiendo a esta encomienda para sus títulos oficiales. Según el convenio firmado, las solicitudes de reconocimiento y transferencia de créditos serán atendidas de acuerdo con la normativa de cada Universidad, de acuerdo a los reglamentos que se detallan a continuación:

La **Universidad de Sevilla** recoge las Normas Básicas sobre Reconocimiento y Transferencia de Créditos de aplicación a los estudios universitarios oficiales de Grado y Máster mediante



Acuerdo 5.1/C.G. 30-09-2008, modificado posteriormente a fin de adaptarse al Real Decreto 861/2010, de 2 de julio. Las normas reguladoras pueden consultarse en el enlace <https://servicio.us.es/academica/reconocimiento-de-creditos>.

**Por su parte, la Universidad Internacional de Andalucía** establece su mecanismo de reconocimiento y transferencia de créditos en el Título VIII “Del reconocimiento y transferencia de créditos” (artículos 52 a 59) de su Reglamento de Régimen Académico, aprobado por Consejo de Gobierno de 19 de diciembre de 2018:

<https://www.unia.es/images/normativa/acuerdos-resoluciones-normativa/Reglamentos/REGLAMENTO DE REGIMEN ACADEMICO-consolidado.pdf>

## 5.- PLANIFICACIÓN DE LAS ENSEÑANZAS

### ESTRUCTURA DE LAS ENSEÑANZAS

#### DISTRIBUCIÓN DEL PLAN DE ESTUDIOS EN CRÉDITOS ECTS POR TIPO DE MATERIA

<b>Obligatorias:</b>	33 ECTS
<b>Optativas</b> (indicar el número de créditos que deberá cursar el alumno, incluyendo las prácticas externas no obligatorias):	13 ECTS
<b>Prácticas Externas</b> (obligatorias):	0 ECTS
<b>Trabajo Fin de Máster:</b>	14 ECTS
<b>CRÉDITOS TOTALES:</b>	<b>60 ECTS</b>

### 5.1.- EXPLICACIÓN GENERAL DE LA PLANIFICACIÓN DEL PLAN DE ESTUDIOS (Descripción y justificación académica de la estructura del plan de estudios propuesto)

#### Explicación General

El Máster Universitario Conjunto en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas por la Universidad de Sevilla y la Universidad Internacional de Andalucía tiene como objetivo formar a investigadores y profesionales con una sólida base en las distintas disciplinas que convergen en los Análisis de Datos Ómicos y la Biología de Sistemas. Se busca fomentar el desarrollo de una sinergia necesaria que permitirá a esta nueva generación de investigadores y profesionales afrontar problemas centrales actuales en el estudio de los seres vivos que requieren tanto el conocimiento de la técnicas ómicas para generación de cantidades masivas de datos que capturen el funcionamiento de los seres vivos como el dominio de la técnicas matemático/computacionales para analizar dichos datos. Este máster está diseñado tanto para alumnado con una formación previa en ciencias biológicas como para alumnado con estudios previos en informática, matemáticas o física. El programa de formación incluye un bloque de asignaturas inicial específico para cada grupo que producirá una base inicial homogénea cubriendo las carencias del alumnado según su formación previa.

Los profesores de la US y de la UNIA impartirán la docencia en las instalaciones de la Facultad de Biología, edificios rojo y verde y en las aulas TIC del CRAI de la Universidad de Sevilla.

El Programa de Formación está dividido en cuatro módulos en los que el alumno debe cursar los ECTS que se muestran entre paréntesis. Estos módulos se describen a continuación:

- **Módulo I: Fundamentos de Bioinformática y Biología de Sistemas (22 ECTS, de los que se cursan 15 ECTS).** Este módulo incluye dos asignaturas con los fundamentos básicos en ciencias biológicas y técnicas matemático/computacionales necesarias en los análisis ómicos y biología de sistemas. El alumnado dependiendo de su formación previa elegirá una o la otra de tal forma que se homogenicen los conocimientos previos. Además incluye una asignatura con los fundamentos de programación y otra asignatura con métodos estadísticos avanzados necesarios durante el resto del programa de formación del máster.

- Módulo II: Técnicas Ómicas, Análisis e Integración de Datos Ómicos (12 ECTS).** Este módulo está formado por tres asignaturas obligatorias que darán la formación necesaria al alumnado para reconstruir sistemas biológicos partir del análisis individual e integrativo de datos genómicos, metagenómicos, transcriptómicos, proteómicos y metabolómicos.
- Módulo III: Modelización y Diseño de Sistemas Biológicos (13 ECTS).** En este módulo se encuentran tres asignaturas que se basan en los resultados obtenidos en los módulos anteriores. Una vez el alumnado domine las técnicas estadísticas y computacionales avanzadas vistas en el módulo I y las haya aplicado al análisis de datos ómicos en el módulo II pasará a adquirir técnicas centrales en la biología de sistemas como son la modelización de sistemas biológicos usando, por ejemplo, teoría de redes, ecuaciones diferenciales y/o sistemas multiagentes. Por último, este módulo incluye una asignatura de diseño de sistemas biológicos con fenotipo deseado siguiendo las metodologías de la biología sintética.
- Módulo IV: Aplicaciones/Discusiones y Trabajo Fin de Máster (28 ECTS, de los que se cursan 20 ECTS).** Finalmente, el programa de formación termina con una serie de asignaturas optativas sobre aplicaciones y discusiones de los análisis ómicos y la biología de sistemas a una amplia gama de tópicos. De las siete asignaturas optativas ofertados el alumnado deberá elegir tres. En este módulo también se incluye el trabajo fin de máster.

La estructura general del Programa de Formación se resume en la tabla a continuación:

Módulo/Materia <sup>1</sup>	Asignaturas	Obligat/Opt	Créd	Cuatrim	
<b>Módulo I : Fundamentos de Bioinformática y Biología de Sistemas</b>	Fundamentos Matemático/ Computacionales	Fundamentos de Biología Molecular, Celular y Fisiología	Optativa/Oblig según titulación de acceso	7 + 7	1º
	Programación en Bioinformática y Biología de Sistemas		Obligatoria	4	1º
	Métodos Estadísticos Avanzados en Bioinformática y Biología de Sistemas		Obligatoria	4	1º
<b>Módulo II: Técnicas ómicas, Análisis e Integración de Datos Ómicos.</b>	Genómica y Metagenómica		Obligatoria	4	1º
	Ómicas de la Expresión Génica y el Metabolismo		Obligatoria	6	1º
	Análisis Integrativo de Múltiples Ómicas		Obligatoria	2	1º
<b>Módulo III: Modelización y Diseño de Sistemas Biológicos.</b>	Construcción y Analisis de Redes Biomoleculares y Biocelulares		Obligatoria	4	1º
	Modelización matemático/computacional de sistemas biológicos		Obligatoria	6	2º
	Biología Sintética e Ingeniería Metabólica de Sistemas		Obligatoria	3	2º
<b>Módulo IV: Aplicaciones /</b>	Aplicaciones y Discusiones en Biomedicina		Optativa	2	2º
	Aplicaciones y Discusiones en		Optativa	2	2º

<b>Discusiones y Trabajo Fin de Máster</b> <b>Materia: Aplicaciones / Discusiones</b>	Medicina Clínica			
	Aplicaciones y Discusiones en Redes de Interacciones Biológicas	Optativa	2	2º
	Aplicaciones y Discusiones en Desarrollo Animal	Optativa	2	2º
	Aplicaciones y Discusiones en Desarrollo Vegetal	Optativa	2	2º
	Aplicaciones y Discusiones en Evolución Vegetal	Optativa	2	2º
	Aplicaciones en Ciencia del Dato y Aprendizaje automático	Optativa	2	2º
<b>Módulo IV: Aplicaciones / Discusiones y Trabajo Fin de Máster</b> <b>Materia: Trabajo Fin de Máster</b>	Trabajo Fin de Máster	Obligatoria	14	2º

Considerando todos los créditos que se ofertan en la titulación, no únicamente los que deben ser cursados por cada alumno, el reparto global por universidades de la carga docente ofertada excluida la correspondiente al TFM sería el siguiente:

- Universidad de Sevilla (US): 42 ECTS
- Universidad Internacional de Andalucía (UNIA): 19 ECTS

Además, cada Universidad se encargaría de la carga docente de los TFM de sus propios estudiantes, a razón de 14 ECTS por estudiante. De los 30 estudiantes que serán admitidos cada año, 10 se matricularán por la UNIA y 20 por la US. Esto implica 140 ECTS de TFM asignados a la UNIA y 280 ECTS asignados a la US.

Esta distribución podría verse ligeramente modificada en diferentes cursos académicos en función de las necesidades docentes.

### Mecanismos de Coordinación Docente

Debido al carácter multidisciplinar e interuniversitario del Máster los mecanismos de Coordinación docente son especialmente relevantes estableciéndose a tres niveles diferentes:

1. Las Comisiones Académica y de Garantía de Calidad del Máster
2. El Coordinador/a del Máster
3. Los Coordinadores de las asignaturas

#### 1. La Comisión Académica y la Comisión de Garantía de Calidad del Centro (CGCC)

La Comisión Académica será el órgano colegiado de gestión académica del Máster, formado por miembros de la comunidad universitaria, y cuya principal función estará relacionada con la ordenación académica del Máster, bajo la coordinación de la Facultad de Biología. En la misma estarán representados el/la Coordinador/a del Máster, profesores que impartan docencia en el Máster tanto de la Universidad de Sevilla como de la Universidad Internacional de Andalucía, con participación de las principales áreas de conocimiento que participen en la docencia del título, los estudiantes del Máster, y el Personal de Administración y Servicios de la Facultad de Biología.

En cuanto a la coordinación docente, la Comisión Académica propondrá anualmente tanto a la Universidad de Sevilla como a la Universidad Internacional de Andalucía los aspectos referentes a la planificación del curso académico y la oferta de plazas de alumnos de nuevo ingreso en el título. Por otro lado, velará, a través de los Coordinadores de las asignaturas, que los Proyectos Docentes de las mismas coincidan con lo establecido en la memoria de verificación del Máster, evitando solapamientos y promoviendo actividades transversales conjuntas. Asimismo, canalizará vías para la resolución de posibles conflictos que puedan surgir en el desarrollo académico y docente del Máster y, con la coordinación del Centro, arbitrará las medidas oportunas para garantizar el buen funcionamiento de los Trabajos Fin de Máster.

La Comisión Académica podrá proponer, si así lo estima conveniente, reuniones de los Coordinadores de las asignaturas para abordar las cuestiones y problemas que pudieran surgir, quedando responsable de velar por un desarrollo académico coordinado del Máster.

Los miembros de la Comisión Académica actuarán en coordinación con la Comisión de Garantía de Calidad del centro (CGCC), que se encargará de la implantación y el despliegue del Sistema de Garantía de Calidad en el Centro y, por consiguiente, en todas las titulaciones del mismo. Dado que la Universidad de Sevilla será la responsable administrativa del título, será la Comisión Académica de Garantía de Calidad de la Facultad de Biología la que ostente esta responsabilidad. La CGCC actuará en coordinación con la Comisión de Seguimiento de Planes de Estudio de la US en las competencias estatutarias propias de esta última.

Con la periodicidad establecida por la Agencia Andaluza del Conocimiento (AAC), La Comisión de Garantía de Calidad del Centro (CGCC) analizará, para cada curso académico, los resultados de los indicadores Troncales (Obligatorios) y Complementarios/ Auxiliares (Opcionales) recogidos en el Sistema de Garantía de Calidad de los Títulos de la Universidad de Sevilla (<http://at.us.es/versiones-sgc#v5>), según las especificaciones previstas en las fichas de los indicadores. La Comisión de Garantía de Calidad del Centro (CGCC) llevará a cabo el análisis de los resultados obtenidos en los indicadores, debiendo examinar el cumplimiento o no del valor cuantitativo estimado, en su caso, en la memoria de verificación actualizada.

## 2. Los/las Coordinadores/as del Máster

El Máster contará con dos coordinadores una para la Universidad de Sevilla y otro para la Universidad Internacional de Andalucía. Los/las coordinadores/as del Máster Universitario serán parte del profesorado doctor con docencia en el mismo. Serán los responsables académicos del Máster Universitario. Las principales atribuciones de los/las coordinadores/as de Máster Universitario serán presidir la Comisión Académica, velar por el cumplimiento y ejecución de los acuerdos adoptados en el seno de la Comisión Académica, informar a los Centros y Departamentos de aquellas decisiones de la Comisión Académica del Máster relacionadas con la gestión académica del mismo que les afecten, coordinar el desarrollo del título y colaborar en el seguimiento del mismo, incluida la evaluación de la actividad docente.

## 3. Los Coordinadores de las asignaturas

La figura de “coordinador de asignatura” está contemplada y regulada en los Reglamentos

Generales de Actividades Docentes de la Universidad de Sevilla.

En concreto, las competencias del coordinador de la asignatura serán las siguientes:

- a) Coordinar los periodos de docencia de cada profesor en el caso de grupos compartidos.
- b) Coordinar el desarrollo de los proyectos docentes anuales, la preparación común de los exámenes parciales y finales y la entrega de las actas de cada convocatoria oficial dentro del plazo establecido cuando el acta sea común a todos los grupos de la asignatura.
- c) Actuar como representante de la asignatura ante la comisión de seguimiento del plan de estudios de la titulación y, también, en la elaboración del calendario de exámenes parciales y finales. Los coordinadores de las asignaturas establecerán contacto permanente entre los profesores que imparten una misma asignatura, para conocer las actividades desarrolladas y próximas a realizar. Se usarán listas de correo electrónico entre profesores de la titulación para comunicar en cada momento las incidencias en las actividades previstas.

**5.2.- ACTIVIDADES FORMATIVAS** (Relacionar las diferentes actividades formativas que se utilizarán en el plan, tanto presenciales como no presenciales. Las presenciales deben coincidir con alguna de las que se indican y que son las previstas en la aplicación Neoplan. Entre las no presenciales debe definirse, al menos, la correspondiente al "Trabajo Autónomo del Estudiante")

Las actividades formativas, las metodologías de enseñanza y aprendizaje de las distintas asignaturas, así como los sistemas de evaluación, se exponen de forma genérica. Los detalles precisos acerca de cada una de las asignaturas son establecidos por el profesorado de cada una de ellas, revisados por la Comisión Académica del Máster, y consignados en el Proyecto Docente de la asignatura antes de que comience el correspondiente curso académico. Con carácter general, se establece una presencialidad en las asignaturas del máster de **8 horas/crédito**.

Cód.	Actividad	Presencialidad
AF1	Clases Teóricas	100%
AF2	Clases Teóricas-Prácticas	100%
AF3	Clases Prácticas en aula	100%
AF4	Clases en Seminario	100%
AF5	Trabajos dirigidos académicamente	100%
AF6	Trabajo Autónomo del Estudiante	0%

\* Suprimir las que no vayan a ser utilizadas en ninguno de los módulos o materias.

**5.3.- METODOLOGÍAS DOCENTES** (Relacionar las diferentes metodologías docentes que se utilizarán en el plan. Las metodologías docentes que se incluyan en las fichas de los módulos/materias posteriores sólo se podrán elegir de entre las detalladas en este apartado)

**MD1 - Clases expositivas:** El profesorado expondrá una introducción teórica de los principales fundamentos, conceptos, algoritmos y protocolos de análisis de datos correspondientes a cada unidad de los contenidos. En estas clases se utilizarán la pizarra, diapositivas y el ordenador como medios didácticos. El alumnado deberá trasladar a sus apuntes las principales ideas que el profesorado transmita y preguntar las dudas que le surja.

**MD2 - Casos de estudio dirigidos:** El profesorado tomando en cuenta las sugerencias del alumnado seleccionará una serie de estudios publicados con anterioridad que usará para ilustrar la aplicación práctica de los algoritmos y protocolos introducidos en las clases expositivas. Estas clases se realizarán delante del ordenador en el laboratorio computacional utilizando datos ómicos disponibles libremente en las distintas bases de datos. Adicionalmente, los alumnos podrán realizar por su propia cuenta una serie de análisis prácticos que se publicarán en la web para fomentar la resolución colaborativa de los mismos.

**MD3 -Estudio y trabajo autónomo del estudiante:** Todo el material usado en las distintas asignaturas estará disponible en internet en forma de apuntes y video tutoriales para fomentar que el alumnado se responsabilice de la organización de su trabajo y de la adquisición independiente de las diferentes competencias según su propio ritmo.

**5.4.- SISTEMAS DE EVALUACIÓN** (Relacionar los diferentes sistemas de evaluación que se utilizarán en el plan. Los sistemas de evaluación que se incluyan en las fichas de los módulos/materias posteriores sólo se podrán elegir de entre los detallados en este apartado )

Los sistemas de evaluación de las distintas asignaturas estarán basados en pruebas objetivas que permitan evaluar el nivel de competencias, conocimientos y capacidades adquiridas por el alumnado. Las pruebas consistirán principalmente en exámenes teórico/prácticos formados por preguntas de respuesta larga o tipo test junto con la resolución de problemas prácticos. Los sistemas de evaluación podrán basarse en actividades de evaluación continua contemplando una relación de requisitos específicos como la realización de exámenes parciales, la asistencia a un mínimo de horas de prácticas, la realización obligatoria de trabajos, proyectos o prácticas de laboratorio y la participación en seminarios.

El sistema de evaluación concreto de cada asignatura será descrito en detalle en el programa docente correspondiente. Sin embargo de forma general se seguirá la siguiente estructura que recoge una evaluación continua opcional.

Bloque Práctico (50% - 80%):

- Asistencia y realización de las prácticas semanales.
- Participación en la resolución colaborativa de problemas disponibles en la páginas web de las asignaturas.
- Desarrollo y defensa de un portafolio consistente en análisis de casos de estudios según el contenido visto en las asignaturas.

Bloque Teórico/Práctico (20% - 50 %):

- Examen teórico/práctico consistente en preguntas tipo test y/o preguntas de respuesta larga

además de la resolución de problemas prácticos.

El alumnado puede decidir no seguir la evaluación continua. En este caso el bloque teórico/práctico se constituirá el 100% de la calificación.

A efectos de inclusión en los módulos del plan de estudios se resumirán los sistemas de evaluación de la siguiente forma:

- SE1 - Examen teórico/práctico
- SE2 - Asistencia y realización de las prácticas
- SE3 - Participación en la resolución colaborativa de problemas
- SE4 - Elaboración del TFM
- SE5 - Presentación y defensa del TFM

No obstante, como se ha indicado antes, el sistema de evaluación concreto de cada asignatura será descrito en detalle en el programa docente correspondiente, siguiendo este patrón general.

## PLANIFICACIÓN Y GESTIÓN DE LA MOVILIDAD DE LOS ESTUDIANTES PROPIOS Y DE ACOGIDA

### a. Procedimientos para la organización de la movilidad de los estudiantes propios y de acogida.

Aunque no existe una organización específicamente propia para la movilidad de estudiantes en este Máster que se propone, se incentiva que los estudiantes soliciten diferentes becas de movilidad disponibles, las cuales se refieren a continuación.

La Universidad de Sevilla y la Universidad Internacional de Andalucía mantienen una propuesta decidida por reforzar las conexiones y los programas de movilidad y cooperación con otros sistemas universitarios, en especial en el entorno europeo y latinoamericano. Entre los objetivos de los programas de movilidad está el que los estudiantes que se acojan a ellos puedan beneficiarse de la experiencia social y cultural, mejorar su currículum de cara a la incorporación laboral, etc. Además, la participación de los estudiantes en estos programas fortalece la capacidad de comunicación, cooperación, adaptación y comprensión de otras culturas.

La Universidad de Sevilla tiene centralizada la gestión de los programas de movilidad e intercambio en el **Vicerrectorado de Internacionalización**, concretamente en el Servicio de Relaciones internacionales y programas de intercambio (<http://www.internacional.us.es/>) mientras que la Universidad Internacional de Andalucía la tiene centralizada en el Vicerrectorado de Relaciones Internacionales a través del **Servicio de Relaciones Internacionales** (<https://www.unia.es/presentacion-vic-internacionalizacion/presentacion-internacionalizacion>). Estos servicios tienen como misión dar respuesta a las necesidades de estudiantes, profesores y PAS en el ámbito de la movilidad nacional e internacional con objeto de coordinar la acción de todos los agentes que participan en los programas de movilidad de ambas universidades.

La universidad de Sevilla cuenta con una amplia oferta de movilidad internacional a través de

distintos programas de becas en universidades latinoamericanas, americanas y europeas (<http://www.internacional.us.es/movilidad-para-estudiantes-y-personal-la-universidad-sevilla>).

La Universidad Internacional de Andalucía, por su parte, mantiene una propuesta decidida por reforzar las conexiones y los programas de movilidad y cooperación con otros sistemas universitarios, en especial en el entorno europeo y latinoamericano. Entre los objetivos de los programas de movilidad está el que los estudiantes que se acojan a ellos puedan beneficiarse de la experiencia social y cultural, mejorar su currículum de cara a la incorporación laboral, etc. Además, la participación de los estudiantes en estos programas fortalece la capacidad de comunicación, cooperación, adaptación y comprensión de otras culturas.

La Universidad Internacional de Andalucía desarrolla una política de becas y ayudas que facilita la movilidad de estudiantes de muy diversa procedencia, especialmente de países hispanoamericanos (<https://www.unia.es/estudiantes/becas-y-ayudas>) y dado su carácter transversal y con una explícita tendencia a la internacionalización, muestra una amplia gama de acciones para fomentar este carácter entre sus alumno/as (<https://www.unia.es/presentacion-vic-internacionalizacion/erasmus>).

En ambas universidades existen varias acciones y convenios de cooperación, además de contar con las convocatorias de movilidad de estudiantes para Másteres oficiales del Ministerio (<http://www.mecd.gob.es/servicios-al-ciudadanomecd/catalogo/educacion/estudiantes/becas-ayudas/para-estudiar/universidad/master.html>), debiendo destacarse las becas de estancia (alojamiento y manutención) que ofrece la UNIA (<https://www.unia.es/estudiantes/becas-y-ayudas/convocatorias-abiertas>) y las que ofrece la US a través del Plan Propio de Docencia o a través de empresas e instituciones conveniadas (<http://www.internacional.us.es/becas-ayudas>).

Asimismo, está contemplada la movilidad dentro del programa Erasmus, tanto para alumno/as propios como para recibir alumno/as.

En definitiva, y a modo de resumen, los principales **programas de movilidad internacional** con los que se cuenta son:

**A. Programa Erasmus +.** El programa Erasmus tiene como objetivo atender a las necesidades de enseñanza y aprendizaje de todos los participantes en educación superior, así como a las instituciones que imparten este tipo de formación. Al igual que en la movilidad nacional, el/la estudiante que participa en un programa de movilidad internacional tiene plena garantías de reconocimiento académico siguiendo la normativa de su propia universidad al respecto. En este momento, se está desarrollando la acción KA103 (movilidad entre países del programa) y la KA107 (movilidad con países asociados). Básicamente, esta opción consiste en la realización de un período de estudios en una institución de educación superior de otro país europeo. Al final del mismo, la institución de origen del/la estudiante reconocerá académicamente los estudios realizados. Durante este periodo, el/la estudiante estará exento de pagar tasas académicas en la institución de acogida. Las Universidades participantes tienen suscritos convenios con numerosas universidades extranjeras. El listado más actualizado está disponible a través de la web del Servicio de Relaciones Internacionales.

**B. Programas y becas con Iberoamérica.** Teniendo en cuenta que la UNIA se define como una universidad de cooperación internacional, especialmente con países Iberoamericanos, existen programas y becas específicas para la movilidad entre estos países y universidades

andaluzas. He aquí algunos de los más interesantes:

- **Becas de la Asociación Universitaria Iberoamericana de Posgrado (AUIP).** Forman parte de la actuación programática de fomento de los estudios de postgrado y doctorado, incluida en el Plan de Acción de la AUIP (<http://www.auiip.org/es/>). El programa está patrocinado por el Consejo Andaluz de Universidades (CAU) y la Consejería de Economía, Conocimiento, Empresas y Universidad de la Junta de Andalucía. Este Programa financia becas de movilidad internacional entre universidades andaluzas y latinoamericanas asociadas a la AUIP. La finalidad fundamental de estas becas es la de fomentar todas aquellas propuestas que ayuden a la cooperación universitaria iberoamericana en el postgrado y faciliten el establecimiento real de un “espacio iberoamericano de educación superior” con una importante presencia de las universidades andaluzas. Dentro de las distintas modalidades, existen becas para estudiantes interesados en cursar másteres y doctorados en España.
- **Programa PIMA.** Programa marco de Intercambio y Movilidad Académica (PIMA, <https://www.oei.es/Educacion/pima/presentacion/>) financiado por la Organización de Estados Iberoamericanos y la Junta de Andalucía, y al cual los estudiantes de Máster en Relaciones Internacionales pueden acogerse.

**C. Programas de Prácticas Internacionales** mediante el cual se ofrece a los estudiantes de máster la posibilidad de realizar prácticas en empresas, instituciones, centros de investigación o universidades extranjeras. Estas prácticas pueden ser curriculares o extracurriculares. En el caso de la presente propuesta de master los alumnos tendrán posibilidad de acceder al programa de **prácticas extracurriculares** son aquellas que no están contempladas en el plan de estudios, pudiéndose hacer estancias de hasta seis meses en una empresa.

**D. Otros Programas.** Por otra parte, las universidades participantes tienen convenios de colaboración específicos para el intercambio de estudiantes con diversas universidades de todo el mundo.

Para el seguimiento del resultado de las estancias, desde la Universidad se realiza un cuestionario de satisfacción, elaborado para tal fin, cuyos destinatarios son, por un lado, los estudiantes, y por otro lado, los coordinadores de centro. Con ello se trata de recopilar información que sirva de base para la introducción de cambios y mejoras.

**5.5.- DESCRIPCIÓN DETALLADA DE LOS MÓDULOS/ MATERIAS Y ASIGNATURAS EN QUE SE ESTRUCTURA EL PLAN DE ESTUDIOS**

**FICHAS DESCRIPTIVAS DE MÓDULO/ MATERIA Y ASIGNATURA**  
(Utilizar una ficha para cada módulo/materia y asignaturas en que se estructure el plan de estudios )

**INFORMACIÓN GENERAL MÓDULO/MATERIA**

<b>Denominación del módulo/materia:</b>	<i>Fundamentos de Bioinformática y Biología de Sistemas</i>	
<b>Número de créditos ECTS:</b> (indicar la suma total de los créditos del módulo/materia)		22
<b>Ubicación temporal:</b>	Primer Cuatrimestre	
<b>Carácter</b> (sólo si todas las materias tienen igual carácter):		Mixto

**RESULTADOS DEL APRENDIZAJE**

(Describen lo que previsiblemente los estudiantes deberán saber, comprender y ser capaces de hacer al finalizar con éxito las asignaturas del módulo/materia)

En este primer módulo se busca que el alumnado adquiera los conocimientos fundamentales en los análisis ómicos y en la biología de sistemas. Específicamente el alumnado deberá conocer:

- Los fundamentos de biología molecular, celular y fisiología necesarios en los análisis ómicos y en la biología de sistemas.
- Los fundamentos matemáticos/computacionales aplicables a los análisis ómicos y en la biología de sistemas.
- Los sistemas operativos, lenguajes de programación, técnicas computacionales y algoritmos más populares en los análisis de datos ómicos y en la biología de sistemas.
- Los métodos estadísticos avanzados más ampliamente utilizados en los análisis de datos ómicos y en la biología de sistemas.

**CONTENIDOS DEL MÓDULO/MATERIA**

(Breve descripción de los contenidos del módulo/materia y/o asignaturas)

Las distintas asignaturas que constituyen este módulo cubrirán los siguientes contenidos:

- Fundamentos de biología celular. La célula. Ciclo celular. Citoesqueleto. Señalización celular. Interacciones intercelulares.
- Fundamentos de biología molecular. Estructura de proteínas. Estructura de ácidos nucleicos y organización de genomas. Replicación del ADN. PCR. Transcripción, traducción y su regulación.
- Fundamentos en fisiología. Enzimología. Metabolismo. Fisiología y homeostasis. Fisiología de los diferentes sistemas. Integración de los sistemas fisiológicos.
- Conceptos fundamentales en los métodos estadísticos. Variables estadísticas. Tablas estadísticas y representaciones gráficas. Variables aleatorias discretas y continuas. Características de una variable aleatoria. Independencia de variables aleatorias.
- Distribuciones de probabilidad fundamentales en análisis de datos ómicos y biología de sistemas: Bernoulli, binomial, hipergeométrica, binomial negativa, Poisson, uniforme, Exponencial negativa, normal.

- Conceptos fundamentales en cálculo numérico aplicados al análisis de datos ómicos y biología de sistemas. Matrices, operaciones con matrices, descomposición de matrices, autovalores y autovectores.
- Continuidad, derivación y diferenciación de funciones. Integración. Técnicas de integración. Diferenciación e integración numérica: análisis numérico. Errores y tratamiento de errores.
- Conceptos fundamentales en ecuaciones diferenciales.
- Lenguaje de programación de propósito general Python. Manejo de librerías específicos para análisis de datos ómicos y biología de sistemas (BioPython, BioConda).
- Programación dinámica. Cadenas ocultas de Markov. Algoritmo de Viterbi. Alienamiento de secuencias por parejas. Algoritmo de Needleman-Wusch. Algoritmo de Smith-Waterman.
- Sistema Operativo Linux y Guiones Bash.
- Arquitecturas computacionales de altas prestaciones. Clústeres de ordenadores. Desarrollo de flujos de trabajo computacionales para el procesamiento paralelo de datos. Técnicas de sincronización de procesos computacionales.
- Lenguaje de programación estadístico R. Manejo de repositorios y paquetes bioinformáticos de R (CRAN, Bioconductor, GitHub). Programación en R.
- Técnicas estadísticas de normalización, estandarización e imputación. Técnicas estadísticas para la comparación de dos conjuntos de datos. Contrastes de hipótesis y problemas asociados.
- Métodos de corrección por testeo múltiple. Métodos computacionales para la combinación y estimación de p-valores.
- Análisis y control del efecto lote. Análisis de enriquecimiento.
- Modelos Lineales para datos ómicos. Análisis de regresión y correlación. Técnicas de Análisis Multivariante. Reducción de la dimensionalidad. Análisis clúster. Clasificación.

**OBSERVACIONES**

(Aclaraciones que se estimen oportunas)

Este módulo creará las bases necesarias para el resto del programa de formación del máster. Además se busca homogeneizar conocimientos entre la heterogeneidad del alumnado que se espera acceda al máster. Debido a que los alumnos de este master pueden proceder de grados con dos tipos de formaciones distintas, será necesario que cursen una de las dos asignaturas de Fundamentos (de 7 ECTS cada una) para que completen su formación. Es por ello que el módulo oferta 22 ECTS de los que el alumno solo cursará 15 ECTS.

Los alumnos que procedan de titulaciones relacionadas con las ciencias de la vida (Biología, Bioquímica, biotecnología, medicina o biomedicina entre otras) deberán cursar de manera obligatoria la asignatura “Fundamentos Matemáticos/Computacionales”, mientras que aquellos que procedan de titulaciones técnicas relacionadas con las ciencias de la computación (informática, matemáticas, estadística, física o ingeniería de la salud entre otras) deberán cursar obligatoriamente la asignatura “Fundamentos de Biología Molecular, Celular y Fisiología”.

**COMPETENCIAS**

(Indicar la competencias adquiridas en el módulo/materia con los códigos indicados en el apartado 3.1)

Desde CB06 hasta CB10  
Desde CG01 hasta CG12  
CT1 y CT2

Para las asignaturas “Programación en Bioinformática y Biología de Sistemas” y “Métodos Estadísticos Avanzados en Bioinformática y Biología de Sistemas”: Desde CE12 hasta CE15

**ACTIVIDADES FORMATIVAS**

(Las empleadas específicamente en este módulo/materia, con su peso en horas y su porcentaje de presencialidad, en función de las relacionadas en el apartado 5.2)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un esquema homogéneo en las actividades formativas según se ha descrito en el apartado 5.2. En el caso concreto de este módulo de forma aproximada se seguirá el siguiente esquema:

- AF1 - Clases Teóricas (30 %) (52,8 horas – 100% presencialidad)
- AF2 - Clases Teóricas-Prácticas (30%) (52,8 horas – 100% presencialidad)
- AF3 - Clases Prácticas en aula (30%) (52,8 horas – 100% presencialidad)
- AF4 - Clases en Seminario (10 %) (17,6 horas – 100% presencialidad)
- AF6 – Trabajo Autónomo del Estudiante (68%) (374 horas – 0% presencialidad)

**METODOLOGÍAS DE ENSEÑANZA Y APRENDIZAJE**

(Las empleadas específicamente en este módulo, en función de las relacionadas, en su caso, en el apartado 5.3)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un esquema homogéneo en las metodologías de enseñanza y aprendizaje según se ha descrito en el apartado 5.3. En el caso específico de este módulo predominarán las clases expositivas en las que profesorado expondrán la teórica de los principales fundamentos, conceptos y algoritmos correspondientes a cada unidad de los contenidos utilizando la pizarra, diapositivas y el ordenador como medios didácticos. El alumnado deberá trasladar a sus apuntes las principales ideas que el profesorado transmita y preguntar las dudas que le surja. Además, la teoría se ilustrará usando casos de estudios apropiados.

Las metodologías docentes son:

- MD1 – Clases Expositivas
- MD2 – Casos de Estudios Dirigidos
- MD3 – Estudio y Trabajo Autónomo del Estudiante

**SISTEMAS DE EVALUACIÓN**

(Los empleados específicamente en este módulo/materia, con su porcentaje de ponderación mínima y máxima en relación con el total, en función de los relacionados en el apartado 5.4)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un sistema de evaluación homogéneo según se ha descrito en el apartado 5.4. El peso de las puntuaciones para cada una de los sistemas de evaluación son los siguientes

- SE1 - Examen teórico/práctico (50% - 100%)
- SE2 - Asistencia y realización de las prácticas (0% - 50%)

- SE3 - Participación en la resolución colaborativa de problemas (0% - 20%)

**ASIGNATURAS QUE COMPONEN EL MÓDULO/MATERIA**

<b>Asignatura</b>	<b>ECTS</b>	<b>Carácter</b>
Fundamentos Matemáticos/Computacionales	7	Optativa según formación previa
Fundamentos de Biología Molecular, Celular y Fisiología	7	Optativa según formación previa
Programación en Bioinformática y Biología de Sistemas	4	Obligatoria
Métodos Estadísticos Avanzados en Bioinformática y Biología de Sistemas	4	Obligatoria

**FICHAS DESCRIPTIVAS DE MÓDULO/ MATERIA Y ASIGNATURA**  
 (Utilizar una ficha para cada módulo/materia y asignaturas en que se estructure el plan de estudios )

**INFORMACIÓN GENERAL MÓDULO/MATERIA**

<b>Denominación del módulo/materia:</b>	<i>Técnicas Ómicas, Análisis e Integración de Datos Ómicos</i>	
<b>Número de créditos ECTS:</b> (indicar la suma total de los créditos del módulo/materia)		12
<b>Ubicación temporal:</b>	Primer Cuatrimestre	
<b>Carácter</b> (sólo si todas las materias tienen igual carácter):	Obligatorio/a	

**RESULTADOS DEL APRENDIZAJE**

(Describen lo que previsiblemente los estudiantes deberán saber, comprender y ser capaces de hacer al finalizar con éxito las asignaturas del módulo/materia)

En este segundo módulo del programa de formación se busca que el alumnado adquiera conocimientos sobre las distintas tecnologías ómicas y el procesamiento de los datos generados para la obtención de información relevante sobre el sistema bajo estudio.

**CONTENIDOS DEL MÓDULO/MATERIA**

(Breve descripción de los contenidos del módulo/materia y/o asignaturas)

Las distintas asignaturas que constituyen este módulo cubrirán los siguientes contenidos:

- Introducción a las distintas técnicas de secuenciación masiva de altas prestaciones aplicadas a genómica, metagenómica, transcriptómica y epigenómica.
- Diferentes técnicas para la detección y cuantificación de metabolitos.
- Diferentes técnicas aplicadas en proteómica.
- Ensamblaje y anotación de genomas. Filogenómica.
- Metagenómica procariota de secuencias “tags” (amplicones). Metagenómica procariota de secuencias “shotgun”. Reconstrucción de genomas microbianos. Metavirómica. Reconstrucción de genomas de virus/fagos.
- Análisis transcriptómicos basados en microarrays. Selección de genes expresados de forma diferencial. Determinación de enriquecimiento funcional en listas de genes.
- Análisis transcriptómicos basados en técnicas de secuenciación de altas prestaciones (RNA-seq). Análisis de eventos de procesamiento alternativo de transcritos o splice alternativo. Determinación de regulación diferencial a través del uso de diversos sitios de inicio de la transcripción.
- Análisis transcriptómicos de novo para organismos no modelo de interés biotecnológico. Ensamblado de novo de transcriptomas.
- Análisis del reguloma de factores de transcripción basado en técnicas de secuenciación de altas prestaciones (ChIP-seq). Determinación de enriquecimiento de sitios de unión de factores de transcripción en promotores génicos.
- Análisis de modificaciones de marcas epigenómicas en histonas basado en técnicas de secuenciación de altas prestaciones (ChIP-seq). Comparación cuantitativa de marcas epigenómicas entre distintas condiciones.
- Determinación del posicionamiento y ocupancia de nucleosomas basado en datos de MNase-seq (secuenciación de regiones sensibles a la nucleasa).
- Análisis de la accesibilidad de la cromatina a nivel genómico basado en ensayos de regiones accesibles de la cromatina para la transposasa usando secuenciación (ATAC-seq).
- Almacenamiento y manejo de objetos para la integración de datos ómicos. Paquetes de Bioconductor para la integración de datos ómicos.
- Métodos multivariantes modernos para la integración de datos ómicos
- Integración de datos transcriptómicos y epigenómicos para capturar los mecanismos de regulación de la expresión génica. Integración de datos transcriptómicos y proteómicos.
- Métodos para la integración de múltiples tablas de datos ómicos. Métodos para la selección de variables en el análisis de múltiples tablas

#### OBSERVACIONES

(Aclaraciones que se estimen oportunas)

Las distintas técnicas matemático/computacionales tratadas en este módulo para el análisis e integración de datos ómicos estarán basados en los métodos matemáticos/computacionales fundamentales y en los métodos estadísticos avanzados estudiados en el módulo I. Los conocimientos básicos sobre los sistemas biológicos estudiados en las distintas técnicas ómicos se habrán introducido también en el módulo I.

**COMPETENCIAS**

(Indicar la competencias adquiridas en el módulo/materia con los códigos indicados en el apartado 3.1)

Desde CB06 hasta CB10

CG01y CG12

CT1 y CT2

Desde CE01 hasta CE25

**ACTIVIDADES FORMATIVAS**

(Las empleadas específicamente en este módulo/materia, con su peso en horas y su porcentaje de presencialidad, en función de las relacionadas en el apartado 5.2)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un esquema homogéneo en las actividades formativas según se ha descrito en el apartado 5.2. En el caso concreto de este módulo de forma aproximada se seguirá el siguiente esquema:

AF2 - Clases Teóricas-Prácticas (50%) (48 horas – 100% presencialidad)

AF4 - Clases en Seminario (25%) (24 horas – 100% presencialidad)

AF5 - Trabajos dirigidos académicamente (25%) (24 horas – 100% presencialidad)

AF6 – Trabajo Autónomo del Estudiante (68%) (204 horas – 0% presencialidad)

**METODOLOGÍAS DE ENSEÑANZA Y APRENDIZAJE**

(Las empleadas específicamente en este módulo, en función de las relacionadas, en su caso, en el apartado 5.3)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un esquema homogéneo en las metodologías de enseñanza y aprendizaje según se ha descrito en el apartado 5.3. En el caso específico de este módulo se buscará un balance entre clases expositivas y casos de estudios dirigidos. La docencia se dividirá en dos partes, primero el profesorado expondrá una introducción teórica de los principales algoritmos y protocolos de análisis de datos ómicos correspondientes a cada unidad de los contenidos usando diapositivas y el ordenador como medios didácticos. En la segunda parte, el profesorado tomando en cuenta las sugerencias del alumnado seleccionará una serie de estudios publicados con anterioridad que usará para ilustrar la aplicación práctica de los algoritmos y protocolos introducidos en las clases expositivas. Estas clases se realizarán delante del ordenador en el laboratorio computacional utilizando datos ómicos disponibles libremente en las distintas bases de datos. Adicionalmente, los alumnos podrán realizar por su propia cuenta una serie de análisis prácticos que se publicarán en la web para fomentar la resolución colaborativa de los mismos.

Las metodologías docentes son:

MD1 – Clases Expositivas

MD2 – Casos de Estudios Dirigidos

MD3 – Estudio y Trabajo Autónomo del Estudiante

**SISTEMAS DE EVALUACIÓN**

(Los empleados específicamente en este módulo/materia, con su porcentaje de ponderación mínima y máxima en relación con el total, en función de los relacionados en el apartado 5.4)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un sistema de evaluación homogéneo según se ha descrito en el apartado 5.4. El peso de las puntuaciones para cada una de los sistemas de evaluación son los siguientes

- SE1 - Examen teórico/práctico (30% - 70%)
- SE2 - Asistencia y realización de las prácticas (0% - 40%)
- SE3 - Participación en la resolución colaborativa de problemas (0% - 40%)

**ASIGNATURAS QUE COMPONEN EL MÓDULO/MATERIA**

<b>Asignatura</b>	<b>ECTS</b>	<b>Carácter</b>
Genómica y Metagenómica	4	Obligatoria
Ómicas de la Expresión Génica y el Metabolismo	6	Obligatoria
Análisis Integrativo de Múltiples Ómicas	2	Obligatoria

**FICHAS DESCRIPTIVAS DE MÓDULO/ MATERIA Y ASIGNATURA**  
(Utilizar una ficha para cada módulo/materia y asignaturas en que se estructure el plan de estudios )

**INFORMACIÓN GENERAL MÓDULO/MATERIA**

<b>Denominación del módulo/materia:</b>	<i>Modelización y Diseño de Sistemas Biológicos</i>	
<b>Número de créditos ECTS:</b> (indicar la suma total de los créditos del módulo/materia)		13
<b>Ubicación temporal:</b>	Primer / Segundo Cuatrimestre	
<b>Carácter</b> (sólo si todas las materias tienen igual carácter):	Obligatorio/a	

**RESULTADOS DEL APRENDIZAJE**

(Describen lo que previsiblemente los estudiantes deberán saber, comprender y ser capaces de hacer al finalizar con éxito las asignaturas del módulo/materia)

En este tercer módulo se busca que el alumnado adquiera los conocimientos y habilidades necesarias en el campo de la biología de sistemas. Específicamente el alumnado deberá conocer:

- La técnicas para la construcción y análisis de redes biomoleculares.
- Las metodologías para la dodelización matemático/computacional de sistemas biológicos
- Las tecnologías emergentes en biología sintética e ingeniería metabólica de sistemas.

**CONTENIDOS DEL MÓDULO/MATERIA**

(Breve descripción de los contenidos del módulo/materia y/o asignaturas)

- Introducción al análisis de redes metabólicas a escala genómica. Definición de flujo metabólico. Introducción al FBA (análisis de balance de flujos). Restricción del espacio de solución: definición de restricciones (“constraints”). Herramientas para la optimización del flujo metabólico: optimización lineal (LP). CobraToolbox. Análisis de propiedades de la red metabólica: predicción del crecimiento, análisis de conectividad, análisis de gaps. Validación del modelo metabólico y ciclo iterativo de mejora.
- Análisis de redes basado en restricciones (constrained-based methods). Métodos de optimización avanzados: optimización cuadrática (QP), MILP y NLP. Métodos de análisis. Predicciones y aplicaciones.
- Fundamentos de sistemas de ecuaciones diferenciales: conceptos básicos, tipos de sistemas de ecuaciones diferenciales, resultados teóricos básicos sobre existencia y unicidad de soluciones de sistemas de ecuaciones diferenciales.
- Algoritmos de aproximación numérica de soluciones de sistemas de ecuaciones diferenciales. Problemas de estabilidad numérica. Herramientas de software para la aproximación de sistemas de ecuaciones diferenciales. Dinámicas en sistemas complejos. Estabilidad y análisis cualitativo de ecuaciones diferenciales. Análisis y representación de dinámicas comunes en sistemas biomoleculares.
- Fundamentos de procesos estocásticos usados en la modelización de sistemas biomoleculares: cadenas de Markov, la ecuación estocástica, etc. Algoritmos de Monte Carlo dinámicos para la generación de trayectorias o soluciones para cadenas de Markov o para la ecuación numérica.
- Introducción a los Sistemas MultiAgente (SMA). Sistemas MultiAgente desde la práctica: Introducción a NetLogo.
- Modelando comportamientos individuales de agentes. Modelando Interacciones entre agentes. Modelos con Entrada y Salida.
- Diseño de experimentos en Sistemas MultiAgente. Redes Complejas en el mundo real: Caracterización, Modelos y Dinámicas. Modelado de Redes Complejas con Sistemas

MultiAgente. Análisis de Dinámicas en Redes Complejas con Interacciones

- Formatos de especificación de modelos de sistemas biomoleculares basados en ecuaciones diferenciales, procesos estocásticos y sistemas multi-agentes. Bases de datos de modelos de sistemas biomoleculares.
- Introducción a la Ingeniería metabólica. Concepto de factoría celular. Metabolismo microbiano: principales rutas y características. Conceptos básicos en ingeniería metabólica: ruta metabólica, nodos metabólicos, flujos metabólicos, título, rendimiento y productividad. Herramientas experimentales e in silico para el análisis de rutas y flujos metabólicos.
- Estrategias de optimización de rutas metabólicas. Deleción (eliminación) de rutas sumidero. Sobreexpresión de genes clave (cuellos de botella metabólicos). Sobreexpresión de rutas metabólicas completas. Uso de reguladores transcripcionales en ingeniería metabólica. Uso de variantes enzimáticas naturales y sintéticas en ingeniería metabólica.
- Herramientas computacionales para la Ingeniería metabólica a escala genómica. Modelos metabólicos y sus aplicaciones: Modelos metabólicos reducidos y modelos a escala genómica (GEM). Modelos mixtos regulación/metabolismo. Herramientas computacionales para el análisis de redes metabólicas aplicadas a la mejora de cepas: predicción de dianas y modificaciones génicas.
- Introducción a la Biología Sintética. Especificación y diseño de sistemas biomoleculares. Modelización para la verificación de sistemas. Estrategias para la caracterización e implementación de genomas, sistemas, componentes y partes en biología sintética.

**OBSERVACIONES**

(Aclaraciones que se estimen oportunas)

El análisis de datos ómicos estudiados en la módulo II generará la información necesaria para construir modelos matemático/computacionales que permitan obtener una mejor comprensión de los sistemas biológicos. Esto sentará la bases para la aplicación de metodologías típicas de la ingeniería para la especificación, diseño e implementación de sistemas biológicos dentro del campo de la biología sintética.

**COMPETENCIAS**

(Indicar la competencias adquiridas en el módulo/materia con los códigos indicados en el apartado 3.1)

Desde CB06 hasta CB10

CG01y CG12

CT1 y CT2

Desde CE12 hasta CE25

**ACTIVIDADES FORMATIVAS**

(Las empleadas específicamente en este módulo/materia, con su peso en horas y su porcentaje de presencialidad, en función de las relacionadas en el apartado 5.2)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un esquema homogéneo en las actividades formativas según se ha descrito en el apartado 5.2. En el caso concreto de este módulo de forma aproximada se seguirá el siguiente esquema:

- AF1 - Clases Teóricas-Prácticas (50%) (52 horas – 100% presencialidad)
- AF4 - Clases en Seminario (25%) (26 horas – 100% presencialidad)
- AF5 - Trabajos dirigidos académicamente (25%) (26 horas – 100% presencialidad)
- AF6 – Trabajo Autónomo del Estudiante (68%) (221 horas – 0% presencialidad)

### METODOLOGÍAS DE ENSEÑANZA Y APRENDIZAJE

(Las empleadas específicamente en este módulo, en función de las relacionadas, en su caso, en el apartado 5.3)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un esquema homogéneo en las metodologías de enseñanza y aprendizaje según se ha descrito en el apartado 5.3. En concreto para este módulo el profesorado expondrá una introducción teórica de los principales fundamentos y protocolos de análisis de datos correspondientes a cada unidad de los contenidos. En estas clases se utilizarán la pizarra, diapositivas y el ordenador como medios didácticos. El profesorado además seleccionará una serie de estudios publicados con anterioridad que usará para ilustrar la aplicación práctica de los algoritmos y protocolos introducidos en las clases expositivas. Estas clases se realizarán delante del ordenador en el laboratorio computacional utilizando datos ómicos disponibles libremente en las distintas bases de datos.

Las metodologías docentes son:

- MD1 – Clases Expositivas
- MD2 – Casos de Estudios Dirigidos
- MD3 – Estudio y Trabajo Autónomo del Estudiante

### SISTEMAS DE EVALUACIÓN

(Los empleados específicamente en este módulo/materia, con su porcentaje de ponderación mínima y máxima en relación con el total, en función de los relacionados en el apartado 5.4)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un sistema de evaluación homogéneo según se ha descrito en el apartado 5.4. El peso de las puntuaciones para cada una de los sistemas de evaluación son los siguientes

- SE1 - Examen teórico/práctico (40% - 80%)
- SE2 - Asistencia y realización de las prácticas (0% - 50%)
- SE3 - Participación en la resolución colaborativa de problemas (0% - 50%)

### ASIGNATURAS QUE COMPONEN EL MÓDULO/MATERIA

Asignatura	ECTS	Carácter
Construcción y Análisis de Redes Biomoleculares y Biocelulares	4	Obligatoria
Modelización matemático/computacional de Sistemas Biológicos	6	Obligatoria
Biología Sintética e Ingeniería Metabólica de Sistemas	3	Obligatoria

**FICHAS DESCRIPTIVAS DE MÓDULO/ MATERIA Y ASIGNATURA**  
(Utilizar una ficha para cada módulo/materia y asignaturas en que se estructure el plan de estudios )

**INFORMACIÓN GENERAL MÓDULO/MATERIA**

<b>Denominación del módulo:</b>	<i>Aplicaciones/Discusiones y Trabajo Fin de Máster</i>
<b>Número de créditos ECTS:</b> (indicar la suma total de los créditos del módulo/materia)	28
<b>Ubicación temporal:</b>	Segundo Cuatrimestre
<b>Carácter</b> (sólo si todas las materias tienen igual carácter):	Mixto

**RESULTADOS DEL APRENDIZAJE**

(Describen lo que previsiblemente los estudiantes deberán saber, comprender y ser capaces de hacer al finalizar con éxito las asignaturas del módulo/materia)

**Materia: Aplicaciones/Discusiones**

Este cuarto y último módulo del programa de formación del máster busca ofertar al alumnado una visión amplia de las distintas aplicaciones de las técnicas y metodologías vistas en los módulos II y III en diversos campos de las ciencias de la vida que incluyen la Biomedicina, Medicina Clínica, Redes de Interacciones Biológicas, Desarrollo Animal, Desarrollo Vegetal, Evolución Vegetal, Ciencia del Dato y Aprendizaje automático.

En concreto, los resultados del aprendizaje de esta materia son los siguientes:

- Conocer las distintas técnicas de secuenciación masiva para la obtención de genomas y metagenomas.
- Conocer los distintos algoritmos y protocolos de análisis y comparación de datos genómicos y metagenómicos de secuenciación masiva, así como la interpretación de los resultados.
- Obtener habilidades prácticas para el uso de las distintas herramientas informáticas para el procesamiento, análisis e integración de datos genómicos y metagenómicos de secuenciación masiva.
- Adquirir conocimiento y habilidades prácticas de uso de las distintas bases de datos genómicos y metagenómicos.
- Adquirir capacidad de planificación de un estudio genómico y metagenómico de una comunidad microbiana (recogida de muestra, secuenciación y análisis).
- Adquirir conocimiento de las distintas técnicas de altas prestaciones para la medición del transcriptoma y el epigenoma.
- Aprender a manejar las bases de datos ómicas y conocer los distintos algoritmos y protocolos de análisis e integración de cantidades masivas de datos transcriptómicos y epigenómicos.
- Obtener capacidad de planificación de un estudio transcriptómico y epigenómico y aprender el uso de herramientas software para el procesamiento de cantidades masivas de estos datos.
- Adquirir conocimiento de los métodos estadísticos y lenguajes de programación estadísticos para el análisis integrativo de datos ómicos.
- Adquirir una formación fundamental en las técnicas estadísticas para el el análisis integrado de datos ómicos y de biología de sistemas.
- Poseer las habilidades estadísticas e informáticas para obtener, analizar, interpretar e integrar datos ómicos, y para entender los modelos y métodos estadísticos de integración aplicados.
- Aprender los fundamentos y conceptos básicos de los sistemas de ecuaciones diferenciales usados en modelización de sistemas biológicos
- Obtener habilidades prácticas para el uso de las distintas herramientas de software para la especificación, simulación y análisis de modelos basados en ecuaciones diferenciales.

- Conocer los fundamentos, conceptos básicos y el uso de herramientas de software para el estudio de los sistemas multiagentes en modelización de sistemas biológicos.
- Conocer los fundamentos y conceptos básicos de teoría de redes así como habilidades prácticas para el uso de las distintas herramientas software genéricas para el análisis y visualización de redes.
- Aprender el uso de los algoritmos y protocolos para la reconstrucción de redes transcripcionales y redes de co-expresión génica a partir del procesamiento de datos transcriptómicos y epigenómicos.
- Obtener habilidades prácticas para el uso de las distintas herramientas software específicas para la reconstrucción de redes transcripcionales y redes de co-expresión génica.
- Conocer la metodología para la reconstrucción de redes metabólicas a escala genómica.
- Conocer los principios matemáticos para la obtención de modelos metabólicos y los métodos y herramientas computacionales para su análisis.
- Realizar predicciones in silico para analizar el fenotipo metabólico mediante MATLAB (CobraToolbox)
- Adquirir la formación necesaria para utilizar el análisis de redes basado en restricciones en diferentes aplicaciones
- Conocer los fundamentos y conceptos básicos de la ingeniería metabólica y biología sintética para su aplicación en la mejora de cepas.
- Conocer las principales estrategias de modificación genética utilizadas en ingeniería metabólica para la optimización de cepas.
- Ampliar y aplicar el conocimiento sobre análisis de modelos metabólicos a escala genómica para la predicción de fenotipos mejorados.
- Conocer el ciclo de especificación, diseño e implementación guiado por modelos matemático/computacionales de componentes, partes y sistemas en biología sintética.

**Materia: Trabajo Fin de Máster**

El trabajo fin de máster se encuadra en este módulo donde el alumno deberá mostrar que es capaz de aplicar de forma independiente todo lo aprendido en el máster a un problema específico en concreto.

**CONTENIDOS DEL MÓDULO/MATERIA**

(Breve descripción de los contenidos del módulo/materia y/o asignaturas)

**Materia: Aplicaciones/Discusiones**

El módulo contiene siete asignaturas cuyo contenido consistirá en la exposición de casos de estudios y aplicaciones que utilizarán las técnicas y metodologías vistas en los módulos II y III. Estas asignaturas aportarán un mejor conocimiento sistémicos de procesos biológicos de especial relevancia para la ciencia actualmente.

**Materia: Trabajo Fin de Máster**

El TFM consistirá en la realización individual de un trabajo original que versará sobre los contenidos del máster o sobre alguna de las líneas de investigación de los profesores del claustro de este título. Este trabajo deberá ser presentado ante un tribunal.

<p><b>OBSERVACIONES</b> (Aclaraciones que se estimen oportunas)</p>
<p><b>Materia: Aplicaciones/Discusiones</b> De las siete asignaturas optativas ofertadas en este módulo, el alumnado deberá cursar únicamente tres de ellas.</p>
<p><b>COMPETENCIAS</b> (Indicar la competencias adquiridas en el módulo/materia con los códigos indicados en el apartado 3.1)</p>
<p><b>Materia: Aplicaciones/Discusiones</b></p> <p>Desde CB06 hasta CB10 CG01y CG12</p> <p>CT1 y CT2</p> <p><b>Materia: Trabajo Fin de Máster</b></p> <p>Desde CB06 hasta CB10 CG01y CG12</p> <p>CT1 y CT2</p> <p>CE11 y CE12</p>
<p><b>ACTIVIDADES FORMATIVAS</b> (Las empleadas específicamente en este módulo/materia, con su peso en horas y su porcentaje de presencialidad, en función de las relacionadas en el apartado 5.2)</p>
<p>A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un esquema homogéneo en las actividades formativas según se ha descrito en el apartado 5.2. En el caso concreto de este módulo de forma aproximada se seguirá el siguiente esquema:</p> <p><b>Materia: Aplicaciones/Discusiones</b> AF2 - Clases Teóricas-Prácticas (56 horas, 100% presencialidad) AF4 - Clases en Seminario (56 horas, 100% presencialidad) AF6 – Trabajo Autónomo del Estudiante (68%) (238 horas, 0% presencialidad)</p> <p><b>Materia: Trabajo Fin de Máster</b> AF6 – Trabajo Autónomo del Estudiante (100%) (350 horas, 0% presencialidad)</p>
<p><b>METODOLOGÍAS DE ENSEÑANZA Y APRENDIZAJE</b> (Las empleadas específicamente en este módulo, en función de las relacionadas, en su caso, en el apartado 5.3)</p>
<p>A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un esquema homogéneo en las metodologías de enseñanza y aprendizaje según se ha descrito en el apartado 5.3.</p>

**Materia: Aplicaciones/Discusiones**

MD2 – Casos de Estudios Dirigidos

MD3 – Estudio y Trabajo Autónomo del Estudiante

**Materia: Trabajo Fin de Máster**

MD3 – Estudio y Trabajo Autónomo del Estudiante

**SISTEMAS DE EVALUACIÓN**

(Los empleados específicamente en este módulo/materia, con su porcentaje de ponderación mínima y máxima en relación con el total, en función de los relacionados en el apartado 5.4)

A lo largo del programa de formación del máster se seguirá un sistema de evaluación homogéneo según se ha descrito en el apartado 5.4.

**Materia: Aplicaciones/Discusiones**

El peso de las puntuaciones para cada una de los sistemas de evaluación son los siguientes:

- SE1 - Examen teórico/práctico (50% - 100%)
- SE2 - Asistencia y realización de las prácticas (0% - 50%)
- SE3 - Participación en la resolución colaborativa de problemas (0% - 20%)

**Materia: Trabajo Fin de Máster**

- SE4 - Elaboración del TFM (0% - 50%)
- SE5 - Presentación y defensa del TFM (50% - 100%)

**ASIGNATURAS QUE COMPONEN EL MÓDULO/MATERIA**

Materia	Asignatura	ECTS	Carácter
Aplicaciones/Discusiones	Aplicaciones y Discusiones en Biomedicina	2	Optativa
	Aplicaciones y Discusiones en Medicina Clínica	2	Optativa
	Aplicaciones y Discusiones en Redes de Interacciones Biológicas	2	Optativa
	Aplicaciones y Discusiones en Desarrollo Animal	2	Optativa
	Aplicaciones y Discusiones en Desarrollo Vegetal	2	Optativa
	Aplicaciones y Discusiones en Evolución Vegetal	2	Optativa
	Aplicaciones en Ciencia del Dato y Aprendizaje automático	2	Optativa
Trabajo Fin de Máster	Trabajo Fin de Máster	14	Obligatoria

## 6.- PERSONAL ACADÉMICO

### 6.1.- PROFESORADO

#### Coordinación del Máster

El Máster será coordinado por dos profesores, uno por la Universidad de Sevilla y otro por la Universidad Internacional de Andalucía.

#### Personal Docente

El personal docente propuesto está integrado casi en su totalidad por doctores especialistas en las materias propuestas y con dilatada experiencia docente e investigadora. A continuación se resumen las características del profesorado propuesto.

La estructura docente y las áreas de conocimiento implicadas en el plan propuesto es la siguiente:

Estructura docente Áreas de conocimiento implicadas en la  
docencia del Plan Propuesto  
Máster Universitario en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas

AREA: 1510A4 **Análisis Matemático - Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico**

Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios
Catedrático Univ.	8 47,1%	8 100,0%	50,0%	23,8	32
Profesor Titular de Universidad	5 29,4%	5 100,0%	31,3%	20,0	15
Profesor Contratado Doctor	3 17,6%	3 100,0%	18,8%	13,3	3
Otro pers. Doc. Laboral	1 5,9%	1 100,0%			
	17	17			

AREA: 265I031 **Estadística e Investigación Operativa - Estadística e Investigación Operativa**

Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios
Profesor Titular de Universidad	5 83,3%	5 100,0%	83,3%	22,0	9
Profesor Contratado Doctor	1 16,7%	1 100,0%	16,7%		
	6	6			

AREA: 410I0F1 **Fisiología - Fisiología**

Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios
Ayudante Doctor	2 100,0%	2 100,0%	100,0%		
	2	2			

AREA: 420I047 **Genética - Genética**

Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios
Catedrático Univ.	1 100,0%	1 100,0%	100,0%	20,0	4

	1	1				
AREA:	50I004	<b>Biología Celular - Biología Celular</b>				
Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios	
Profesor Titular de Universidad	1 14,3%	1 100,0%	14,3%	15,0	3	
Catedrático de E.U.	1 14,3%	1 100,0%	14,3%	20,0	3	
Profesor Contratado Doctor	3 42,9%	3 100,0%	42,9%	5,0	1	
Ayudante Doctor	2 28,6%	2 100,0%	28,6%			
	7	7				
AREA:	570I0A3	<b>Lenguajes y Sistemas Informáticos - Lenguajes y Sistemas Informáticos</b>				
Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios	
Profesor Titular de Universidad	1 50,0%	1 100,0%	50,0%	10,0	2	
Profesor Contratado Doctor	1 50,0%	1 100,0%	50,0%	10,0	1	
	2	2				
AREA:	595I064	<b>Matemática Aplicada - Matemática Aplicada I</b>				
Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios	
Profesor Titular de Universidad	1 100,0%	1 100,0%	100,0%	30,0	0	
	1	1				
AREA:	60I008	<b>Bioquímica y Biología Molecular - Bioquímica Vegetal y Biología Molecular</b>				
Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios	
Catedrático Univ.	3 60,0%	3 100,0%	60,0%	30,0	15	
Profesor Contratado Doctor	2 40,0%	2 100,0%	40,0%	10,0	3	
	5	5				
AREA:	630I067	<b>Microbiología - Microbiología</b>				
Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios	
Catedrático Univ.	1 25,0%	1 100,0%	25,0%	30,0	5	
Profesor Titular de Universidad	1 25,0%	1 100,0%	25,0%	15,0	3	
Profesor Contratado Doctor	1 25,0%	1 100,0%	25,0%	10,0	2	
Ayudante Doctor	1 25,0%	1 100,0%	25,0%			
	4	4				
AREA:	630I068	<b>Microbiología - Microbiología y Parasitología</b>				
Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios	
Profesor Contratado Doctor	2 100,0%	2 100,0%	100,0%	7,5	3	
	2	2				
AREA:	63I005	<b>Botánica - Biología Vegetal y Ecología</b>				
Categoría	Nº PDI	Doctores	Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios	
Profesor Titular de Universidad	1 50,0%	1 100,0%	50,0%			

Profesor Contratado Doctor	1	50,0%	1	100,0%	50,0%		
	2		2				
AREA: 7510A0 Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial - Ciencias de la Computación e Inteligencia							
Categoría	Nº PDI		Doctores		Horas docencia	Exp. Docente. Media Años	Exp. Inv. Total sexenios
Profesor Titular de Universidad	5	50,0%	5	100,0%	50,0%	20,0	11
Profesor Contratado Doctor	2	20,0%	2	100,0%	20,0%	17,5	0
Ayudante Doctor	3	30,0%	3	100,0%	30,0%		
	10		10				

La participación del profesorado de los Departamentos en el desarrollo académico del Máster y el número de créditos que éste impartirá en el mismo, está ligada a la “Normativa de Dedicación Académica del Profesorado” y al “Reglamento para la elaboración de los Planes de Asignación de Profesorado a los Planes de Organización Docente”, que anualmente aprueba el Consejo de Gobierno de la Universidad de Sevilla.

Tabla resumen de las características del profesorado del máster

### Profesorado de la US

Nº Total Profesores US 64 (29,6% mujeres, 70,3% hombres)	
Catedráticos de Universidad	14
Profesores Titulares de Universidad	18
Catedráticos de Escuela Universitaria	1
Profesores Contratado Doctor	15
Profesores Ayudante Doctor	9
Profesores Asociados	1
Investigadores postdoctorales	6

Experiencia docente (nº de quinquenios)

Nº Quinquenios	Nº de Profesores	(%)
0 / no procede	24	37,5
1	4	6,25
2	6	9,37
3	8	12,5
4	9	14,0
5	5	7,81
6	6	9,37
7	2	3,12

Experiencia Investigadora (nº de sexenios)

Nº Sexenios	Nº de Profesores	(%)
0 / no procede	25	39,06
1	5	7,8
2	9	14,06
3	15	23,4
4	3	1,56
5	5	7,8
6	2	3,12

### Profesorado de la UNIA

Nº Total Profesores UNIA 20 (25% mujeres, 75% hombres)	
Profesores Titulares de Universidades Españolas	2
Lecturers Universidades Extranjeras	2
Profesores Asociados Universidades Españolas	2
Investigadores centros del CSIC	8
Investigadores RyC, JdIC, Postdoc	2
Profesionales Institutos de investigación nacionales /extranjeros	4

### Experiencia docente (nº quinquenios)

Nº Quinquenios	Nº de Profesores	(%)
0 / no procede	15	75,0
1	0	0
2	1	5,0
3	0	0
4	3	15,0
5	1	5,0

### Experiencia Investigadora (nº sexenios)

Nº Sexenios	Nº de Profesores	(%)
0 / no procede	13	65,0
1	0	0
2	1	5,0
3	4	20,0
4	2	10,0

### Listado de Profesores US

1. Argandoña Bertrán, Montserrat, Profesor Contratado Doctor, Depto. Microbiología Y Parasitología

2. Balao Robles, Francisco J., Profesor Titular de Universidad, Depto. Biología Vegetal Y Ecología
3. Barranco Chamorro, Inmaculada, Profesor Titular de Universidad, Depto. Estadística e Investigación Operativa
4. Bermúdez Pulgarín, Beatriz, Profesor Contratado Doctor, Depto. Biología Celular
5. Bernal Bayard, Joaquín, Senior Post-Doc Marie Curie Fellow, Depto. Genética
6. Bernal Guzmán, Patricia, Junior Investigador (Jin Programme), Depto. Microbiología
7. Blanquero Bravo, Rafael, Profesor Titular de Universidad, Depto. Estadística E Investigación Operativa
8. Borrego Díaz, Joaquín, Profesor Titular de Universidad, Depto. Cc Computación E Inteligencia Artificial
9. Casado Díaz, Juan, Catedrático de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
10. Cejudo Fernández, Francisco Javier, Catedrático de Universidad, Bioquímica Vegetal y Biología Molecular
11. Chacón Rebollo, Tomás, Catedrático de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
12. Chávez De Diego, Sebastián, Catedrático de Universidad, Depto. Instituto De Biomedicina De Sevilla
13. Climent Ezquerra, Blanca, Profesor Titular de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
14. Cubiles De La Vega, María Dolores, Profesor Titular de Universidad, Depto. Estadística E Investigación Operativa
15. Daza Navarro, Paula, Catedrática De Escuela Universitaria, Depto. Biología Celular
16. Doubova Krasotchenko, Anna, Profesora Titular de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
17. Enguix González, Alicia, Profesor Titular de Universidad, Depto. Estadística e Investigación Operativa
18. Escudero Cuadrado, Luis María, Profesor Contratado Doctor, Depto. Biología Celular
19. Escudero Lirio, Antonio Marcial, Profesor Titular, Depto. Biología Vegetal y Ecología
20. Espuny Gómez, María Del Rosario, Catedrática de Universidad, Depto. Microbiología
21. Fernández Cara, Enrique, Catedrático de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
22. Fernández García, Soledad, Contrato de Acceso al Sistema Español de Ciencia, Tecnología e Innovación; Dpto. Ecuaciones Diferenciales Y Análisis Numérico
23. Fontán Lozano, Ángela, Profesor Ayudante Doctor, Depto. Fisiología
24. Franco Coronil, Daniel, Profesor Contratado Doctor, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
25. Gálvez Ruiz, David, Profesor Ayudante Doctor, Depto. Estadística e Investigación Operativa
26. Garrido Atienza, María J., Profesora Titular De Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
27. González Burgos, Manuel, Catedrático de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
28. Guillén González, Francisco M., Catedrático de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
29. Gutiérrez Naranjo, Miguel Ángel, Profesor Titular De Universidad, Depto. Cc Computación E Inteligencia Artificial
30. Huertas Romera, María José, Profesor Contratado Doctor, Depto. Bioquímica Vegetal

- y Biología Molecular
31. Langa Rosado, José Antonio, Catedrático de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
  32. López Baena, Francisco Javier, Profesor Contratado Doctor, Depto. Microbiología
  33. López Maury, Luis, Profesor Contratado Doctor, Depto. Bioquímica Vegetal Y Biología Molecular
  34. Luna Laynez, Manuel, Profesor Titular De Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales Y Análisis Numérico
  35. Luque Calvo, Pedro Luis, Profesor Titular de Universidad, Depto. Estadística e Investigación Operativa
  36. Maestre Caballero, Faustino, Profesor Contratado Doctor, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
  37. Marín Rubio, Pedro, Catedrático de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
  38. Martín Mateos, Francisco Jesús, Profesor Titular De Universidad, Depto. Cc Computación e Inteligencia Artificial
  39. Martín Rubio, María Esther Profesor Ayudante Doctor, Depto. Biología Celular
  40. Martínez Del Amor, Miguel Ángel, Profesor Ayudante Doctor, Depto. Cc Computación E Inteligencia Artificial
  41. Medina Morillas, Carlos, Profesor Ayudante Doctor, Depto. Microbiología
  42. Mejías Estévez, Rebeca M., Profesor Ayudante Doctor, Depto. Fisiología
  43. Morales Rodrigo, Cristian, Profesor Contratado Doctor, Depto. Ecuaciones Diferenciales Y Análisis Numérico
  44. Nepomuceno Chamorro, Isabel A., Profesor Contratado Doctor, Depto. Lenguajes Y Sistemas Informáticos
  45. Nepomuceno Chamorro, Juan Antonio, Profesor Contratado Doctor, Depto. Lenguajes y Sistemas Informáticos
  46. Orta Vázquez, Manuel Luis, Profesor Contratado Doctor, Depto. Biología Celular
  47. Pastor Carrillo, Nuria, Profesor Titular De Universidad, Depto. Biología Celular
  48. Pérez Hurtado De Mendoza, Ignacio, Full-Time Lecturer (Profesor Sustituto Interino), Depto. Cc Computacion e Inteligencia Artificial
  49. Pérez Pérez, María Teresa, Contrato De Acceso Al Sistema Español Plan Propio, Dpto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
  50. Ramos Morales, Francisco, Catedrático de Universidad, Depto. Genética
  51. Riscos Núñez, Agustín, Profesor Titular de Universidad, Depto. Cc Computación e Inteligencia Artificial
  52. Rodríguez Bellido, M<sup>a</sup>. De Los Ángeles, Profesora Titular de Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
  53. Romero Campero, Francisco Jose, Profesor Titular, Depto. Cc Computación e Inteligencia Artificial
  54. Romero Jiménez, Álvaro, Profesor Contratado Doctor, Depto. Cc Computación E Inteligencia Artificial
  55. Romero Rodríguez, José M., Catedrático de Universidad, Depto. Instituto De Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis
  56. Rubino, Samuele, Contratado Juan de La Cierva – Incorporación, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
  57. Ruiz De La Haba, Rafael, Profesor Contratado Doctor, Depto. Microbiología y Parasitología
  58. Ruiz Reina, José Luis, Profesor Asociado, Depto. Cc Computación e Inteligencia

Artificial

59. Sancho Caparrini, Fernando, Profesor Contratado Doctor, Depto. Cc Computación e Inteligencia Artificial
60. Suárez Fernández, Antonio, Catedrático De Universidad, Depto. Ecuaciones Diferenciales y Análisis Numérico
61. Valencia Cabrera, Luis, Profesor Ayudante Doctor, Depto. Cc Computación E Inteligencia Artificial
62. Vega Moreno, Francisco Manuel, Profesor Ayudante Doctor , Depto. Biología Celular
63. Villalobo Polo, Eduardo, Profesor Titular de Universidad, Depto. Microbiología
64. Vioque Peña, Agustín, Catedrático de Universidad, Depto. Bioquímica Vegetal y Biología Molecular

### Listado de Profesores UNIA

1. Calonje Macaya, Miriam, Científico Titular CSIC
2. Casares Fernández, Luis Fernando, Investigador Científico CSIC
3. Civit Vives, Sergio, Profesor Asociado, Universitat De Barcelona
4. Devos, Damien, Científico Titular CSIC
5. Dopazo Blázquez, Joaquín, Director, Fundacion Pública Andaluza Progreso y Salud
6. Fortuna, Miguel A., Oberassistent (Postdoctoral Researcher), University of Zurich
7. Gómez Mestre, Iván, Científico Titular CSIC
8. González Aguilera, Cristina, Contratado Postdoctoral, Fisevi: Fundación Pública Andaluza Para La Gestión De La Investigación En Salud En Sevilla
9. González Ruiz, Juan Ramón, Associate Research Professor, Instituto de Salud Global Barcelona (Isglobal)
10. Goñi Moreno, Ángel, Lecturer , Newcastle University
11. Leonard, Jennifer A., Científico Titular CSIC
12. Marcon, Luciano, Científico Titular CSIC
13. Matus Picero, José Tomás, Investigador Subprograma Ramón y Cajal, Universitat De València
14. Nickel, Pablo Iván, Senior Researcher & Group Leader , The Novo Nordisk Foundation Center For Biosustainability
15. Paun, Ovidiu, Lecturer, Universidad de Viena
16. Pelenchano García, Vicente José, Assistant Professor, Karolinska Institutet
17. Rojas Mendoza, Ana María, Científico Titular CSIC
18. Ruiz Laza, Agustín, Investigador, Ciber Enfermedades Neurodegenerativas (Ciberned)
19. Sánchez Pla, Alejandro, Profesor Titular De Universidad, Universitat de Barcelona
20. Valverde Albacete, Federico, Científico Titular CSIC

### ACTIVIDAD INVESTIGADORA DEL CLAUSTRO DE PROFESORES

La actividad investigadora del claustro de profesores es muy intensa. En los últimos 10 años los profesores han sido investigadores principales de 145 proyectos o contratos de investigación, y en los últimos 5 años han publicado 45 libros o capítulos de libros y más de 900 publicaciones en revistas indexadas. Dada la enorme producción científica, solo se listan las publicaciones en revistas indexadas de los últimos 5 años.

### PUBLICACIONES. REVISTAS Últimos 5 años

1. Pastor JM, Borges N, Pagán JP, Castaño-Cerezo S, Csonka LN, Goodner BW, Reynolds KA,

- Gonçalves LG, Argandoña M, Nieto JJ, Vargas C, Bernal V, Cánovas M. Fructose metabolism in *Chromohalobacter salexigens*: interplay between the Embden-Meyerhof-Parnas and Entner-Doudoroff pathways. *Microbial Cell factories*. 18(1):134. 2019. F. Imp: 4.4. Posición: Q1
2. M Salvador, M Argandoña, F Piubeli, JJ Nieto, LN Csonka, C Vargas. Quantitative RNA-seq unveils osmotic and thermal adaptation mechanisms relevant for ectoines production in *Chromohalobacter salexigens*. *Frontiers in Microbiology*. 9:1845. F. Imp: 4.25. Posición: Q1
  3. F Piubeli, M Salvador, M Argandoña, JJ Nieto, V.Bernal., JM Pastor, M Cánovas, M., C Vargas. Insights into metabolic osmoadaptation of the ectoines-producer bacterium *Chromohalobacter salexigens* through a high-quality genome scale metabolic model. *Microbial Cell Factories*. 9;17(1):2 (2018). F. Imp: 4.4. Posición: Q1
  4. MJ Salar-García, V Bernal, JM Pastor, M Salvador, M Argandoña, JJ C Vargas, M Cánovas. Understanding the interplay of carbon and nitrogen supply for ectoines production and metabolic overflow in high density cultures of *Chromohalobacter salexigens*. *Microbial Cell Factories*. 16(1):23 (2017). F. Imp: 3,68. Posición: Q1
  5. MJ Torres, M Argandoña, C Vargas, E Bedmar, H Fisher, S Mesa, MJ Delgado. The global response regulator RegR controls expression of denitrification genes in *Bradhyrhizobium japonicum*. *PLoS ONE* 9(6): e99011-e99022 (2014). F. Impacto ISI: 3,234. Posición: Q1
  6. M Salvador, M Argandoña, LN Csonka, JJ Nieto, M. Cánovas y C Vargas. Contribution of RpoS to metabolic efficiency and ectoines synthesis during the osmo- and heat-stress response in the halophilic bacterium *Chromohalobacter salexigens*. *Environmental Microbiology Reports* 7:301-11 (2015) F. Imp:3,29. Posición:Q1
  7. López-Jurado J, Mateos-Naranjo E, Balao F. 2019. Niche divergence and limits to expansion in the high polyploid *Dianthus broteri* complex. *New Phytologist* 222: 1076-1087.
  8. Balao F, Paun O, Alonso C. 2018. Uncovering the contribution of epigenetics to plant phenotypic variation in Mediterranean ecosystems. *Plant Biology* 20: 38-49.
  9. Balao F, Trucchi E, Wolfe T, Hao B-H, Lorenzo MT, Baar J, Sedman L, Kosiol C, Amman F, Chase M, Hedrén M, Paun O. 2017. Adaptive sequence evolution is driven by biotic stress in a pair of orchid species (*Dactylorhiza*) with distinct ecological optima. *Molecular Ecology* 26:3649–3662
  10. Alonso C, Balao F, Bazaga P, Pérez R. 2016. Epigenetic contribution to successful polyploidizations: variation in global cytosine methylation along an extensive ploidy series in *Dianthus broteri* (Caryophyllaceae). *New Phytologist* 212:571-576.
  11. Balao F, Tannhäuser M, Lorenzo MT, Hedrén M, Paun O. 2016. Genetic differentiation and admixture between sibling allopolyploids in the *Dactylorhiza majalis* complex. *Heredity* 116:351-361
  12. Balao F, Casimiro-Soriguer R, García-Castaño JL, Terrab A, Talavera, S. 2015. Big thistle eats the little thistle: does unidirectional introgressive hybridization endanger the conservation of *Onopordum hinojense*?. *New Phytologist*, 206: 448-458.
  13. Sánchez-Robles JM, García-Castaño JL, Balao F, Terrab A, Navarro-Sampedro L, Tremetsberger K, Talavera S. 2014. Effect of tree architecture on pollen dispersal and mating patterns in *Abies pinsapo* Boiss. *Molecular Ecology*, 23: 6165–6178.
  14. Balao F, García-Castaño JL. 2014. AFLPsim: an R package to simulate and detect dominant markers under selection in hybridizing populations. *Plant Methods* 10(1):40
  15. JM Sánchez-Robles, F Balao, A Terrab, JL García-Castaño, MA Ortiz, E Vela, S Talavera. 2014. Phylogeography of SW Mediterranean firs: Different European origins for the North African *Abies* species. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 79, 42-53.
  16. Enrique Calderín-Ojeda, Emilio Gómez-Déniz, Inmaculada Barranco-Chamorro. 2019. Modelling zero-inflated count data with a special case of the Generalized Poisson distribution. *Astin Bulletin* 49(03) : 689-707.
  17. Jimmy Reyes; Inmaculada Barranco-Chamorro; Héctor W. Gómez-Geraldo. 2019. Generalized modified slash distribution with applications. *Communication in Statistics-Theory and Methods*. DOI: 10.1080/03610926.2019.1568484.
  18. Jimmy Reyes, Inmaculada Barranco-Chamorro; Diego Gallardo; Héctor W. Gómez. 2018. Generalized Modified Slash Birnbaum-Saunders Distribution. *Symmetry-Basel*, 10 (12), pp. 1-18, DOI: 10.3390/sym10120724.
  19. Inmaculada Barranco-Chamorro; Pedro Luis Luque Calvo; María Dolores Jiménez Gamero; María Virtudes Alba Fernández. 2017. A study of Bayes estimators in the generalized half-logistic distribution for progressively type- II censored samples. *Mathematics and Computers in Simulation*, 137, pp. 130-147.
  20. María Dolores Jiménez Gamero; María Virtudes Alba Fernández; Pedro Jodra; Inmaculada Barranco-

- Chamorro. 2017. Fast tests for the two-sample problema based on the empirical characteristic function. *Mathematics and Computers in Simulation*, 137, pp. 390-410. Q1 (60/252)
21. Inmaculada Barranco-Chamorro; Juan Luis Moreno Rebollo; María Dolores Jiménez Gamero; María Virtudes Alba Fernández. 2015. Estimation of the simple size  $n$  based on record values. *Mathematics and Computers in Simulation*, 118, pp. 58-72.
  22. María Dolores Jiménez Gamero; María Virtudes Alba Fernández; Pedro Jodrá; Inmaculada Barranco-Chamorro. 2015. An approximation to the null distribution of a class of Cramer-Von-Mises statistics. *Mathematics and Computers in Simulation*, 118, pp. 258-272.
  23. Inmaculada Barranco-Chamorro; María Dolores Jiménez Gamero; Jose Antonio Mayor Gallego; Juan Luis Moreno Rebollo. 2015. A case-deletion diagnostic for penalized estimators and BLUP under linear mixed models in survey sampling. *Computational Statistics and Data Analysis*. 87, pp. 18-33.
  24. Bernal, P \*, Llamas, MA, Filloux, A (2018). Type VI secretion Systems in plant-associated bacteria. *Environmental Microbiology*. 20:1-15. IF: 6.24 Microbiology
  25. Bernal, P, Allsopp, LP, Filloux, A, and Llamas MA (2017). The *Pseudomonas putida* T6SS is a plant warden against phytopathogens. *ISME Journal*. IF: 9.7 Ecology, Evolution, Behavior and Systematics / Microbiology
  26. Gómez-Zambrano A, Merini W, Calonje M. The repressive role of Arabidopsis H2A.Z in transcriptional regulation depends on AtBMI1 activity. *Nature Communications* 2019, 10 (1), 2828.
  27. Zhou Y, Romero-Campero FJ, Gómez-Zambrano A, Turck F and Calonje M H2A monoubiquitination in Arabidopsis is generally independent of LHP1 and PRC2 activity. *Genome Biology* 2017, 12;18(1):69.
  28. Merini W, Romero- Campero FJ, Gomez-Zambrano A, Zhou Y, Turck F, Calonje M. [The Arabidopsis Polycomb Repressive Complex 1 \(PRC1\) Components AtBMI1A, B, and C Impact Gene Networks throughout All Stages of Plant Development.](#) *Plant Physiol.* 2017, 173(1):627-641.
  29. Lucas-Reina E, Ortiz-Marchena MI, Romero- Campero FJ, Calonje M, Romero JM, Valverde F. Evolution of the Flowering Pathways. *Progress in Botany* 2016, DOI 10.1007/978-3-319-25688-7.
  30. Picó S, Ortiz-Marchena MI, Merini W, Calonje M. Deciphering the role of Polycomb Repressive Complex 1 (PRC1) variants in regulating the acquisition of flowering competence in Arabidopsis. *Plant Physiology* 2015,168(4):1286-97.
  31. Merini W & Calonje M. PRC1 is taking the lead in PcG repression. *The Plant Journal* 2015, 83(1):110-20.
  32. Calonje M. PRC1 Marks the Difference in Plant PcG Repression. *Molecular Plant* 2014, doi: 10.1093/mp/sst150.
  33. M Sánchez-Aragón, J. Cantisán, C.S. Lopes, C.M Luque, M.C. Lemos, F. Casares A toggle-switch and a feed-forward loop engage in the control of the Drosophila retinal determination gene network. (2019). *Frontiers in Ecology and Evolution*, section Evolutionary Developmental Biology. doi.org/10.3389/fevo.2019.00221
  34. I Almudi, C Martin-Blanco, I Maria Garcia-Fernandez, A Lopez-Catalina, K Davie, S Aerts, Fernando Casares Establishment of the mayfly *Cloeon dipterum* as a new model system to investigate insect evolution. 2019. *EvoDevo* Apr 2;10:6. doi: 10.1186/s13227-019- 0120-y.
  35. D Garcia-Morales, T Navarro, A Iannini, DG Miguez\*, Fernando Casares\*. Dynamic Hh signaling can generate temporal information during tissue patterning. 2019. *Development* Apr 25;146(8). doi: 10.1242/dev.176933.
  36. Magri MS, Domínguez- Cejudo MA, Casares F. Wnt controls the medial-lateral subdivision of the *Drosophila* head. *Biol Lett.* 2018 Jul;14(7). pii: 20180258. doi: 10.1098/rsbl.2018.0258.
  37. Vollmer J, Fried P, Aguilar-Hidalgo D, Sánchez-Aragón M, Iannini A, Casares F\*, Iber D. Growth control in the *Drosophila* eye disc by the cytokine Unpaired. *Development.* 2017 Mar 1;144(5):837-843.
  38. A Al Khatib, N Siomava, A Iannini, N Posnien, F Casares. Specific expression and function of the Six3 optix in Drosophila serially homologous organs. *Biology open.* 2017. 6 (8), 1155-1164. Aug 15;6(8):1155-1164. doi: 10.1242/bio.023606.
  39. M Neto, M Naval-Sánchez, D Potier, PS Pereira, D Geerts, S Aerts, F Casares. Nuclear receptors connect progenitor transcription factors to cell cycle control. *Scientific Reports.* Jul 7;7(1):4845. doi: 10.1038/s41598-017-04936-7.
  40. Martins T, Eusebio N, Correia A, Marinho J, Casares F, Pereira PS. TGF $\beta$ /Activin signalling is required for ribosome biogenesis and cell growth in Drosophila salivary glands. (2017). *Open Biol.* doi:10.1098/rsob.160258.
  41. M Mérida- Floriano, F Caballero, D García-Morales, F Casares, L Merino. Bioinspired vision-only

- UAV attitude rate estimation using machine learning. 2017 International Conference on Unmanned Aircraft Systems (ICUAS) (pages 1476-1482), Edit.: IEEE.
42. Neto M, Aguilar-Hidalgo D, Casares F. (Increased avidity for Dpp/BMP2 maintains the proliferation of progenitors-like cells in the Drosophila eye. 2016). *Dev Biol.* doi: 10.1016/j.ydbio.2016.08.004.
  43. . P Fried, M Sanchez, D Aguilar-Hidalgo, B Lehtinen, F Casares\*, and D Iber\*. A model of the spatio-temporal dynamics of Drosophila eye disc development PLoS Computational Biology. September 14, 2016. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005052>.
  44. C Brás- Pereira\*, D Potier, J Jacobs, S Aerts, F Casares\* and F Janody\*. *dachshund* potentiates Hedgehog signaling during Drosophila retinogenesis. PLoS Genetics July 21, 2016. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pgen.1006204>.
  45. J Vollmer, P Fried, M Sanchez, C S Lopes, F Casares\*, and D Iber\* A Quantitative Analysis of Growth Control in the Drosophila Eye Disc. *Development*, 2016. 143: 1482-1490; doi: 10.1242/dev.129775.
  46. D Aguilar-Hidalgo\*, D Becerra, D García-Morales, F Casares. Towards a study of gene regulatory constraints to morphological evolution of the Drosophila ocellar region. *Dev Genes Evol.* 2016 Jun;226(3):221-33. doi: 10.1007/s00427-016-0541-8.
  47. Caldeira J, Figueiredo J, Brás-Pereira C, Carneiro P, Moreira AM, Pinto MT, Relvas JB, Carneiro F, Barbosa M, Casares F, Janody F, Seruca R. E-cadherin-defective gastric cancer cells depend on Laminin to survive and invade. *Hum Mol Genet.* 2015 Oct 15;24(20):5891- 900. doi: 10.1093/hmg/ddv312.
  48. Marcos S, González-Lázaro M, Beccari L, Carramolino L, Martín-Bermejo MJ, Amarie O, Mateos-San Martín D, Torroja C, Bogdanović O, Doohan R, Puk O, Hrabě de Angelis M, Graw J, Gomez-Skarmeta JL, Casares F, Torres M, Bovolenta P. Meis1 coordinates a network of genes implicated in eye development and microphthalmia. *Development.* 2015 Sep 1;142(17):3009-20. doi: 10.1242/dev.122176.
  49. Dominguez-Cejudo MA, Casares F. Antero-posterior patterning of Drosophila ocelli requires an anti-repressor mechanism within the hh- pathway mediated by the Six3 gene Optix. *Development.* 2015, 142(16):2801-9. doi: 10.1242/dev.125179.
  50. Brás-Pereira C, Casares F, Janody F. The retinal determination gene Dachshund restricts cell proliferation by limiting the activity of the Homothorax-Yorkie complex. *Development.* 2015 Apr 15;142(8):1470-9.
  51. Lopes CS, Casares F. Eye selector logic for a coordinated cell cycle exit. *PLoS Genet.* 2015 Feb 19;11(2):e1004981.
  52. Piñeiro C, Lopes CS, Casares F. A conserved transcriptional network regulates lamina development in the Drosophila visual system. *Development.* 2014 Jul;141(14):2838-47
  53. Spieler D, Kaffe M, et al. Restless legs syndrome-associated intronic common variant in Meis1 alters enhancer function in the developing telencephalon. *Genome Res.* 2014 Apr;24(4):592-603.
  54. María Dolores Jiménez Gamero; María Virtudes Alba Fernández; Inmaculada Barranco- Chamorro; Joaquín Muñoz García. 2014. Two classes of divergence statistics for testing uniform association. *Statistics: A Journal of Theoretical and Applied Statistics*, 48-2, pp. 367-387.
  55. José E. Pérez-Ortín, Vicente Tordera and Sebastián Chávez Título: Homeostasis in the Central Dogma of Molecular Biology: the importance of mRNA instability. *Revista RNA Biology*. Volumen en prensa. 2019
  56. Victoria Begley, Daniel Corzo, Antonio Jordán-Pla, Abel Cuevas-Bermúdez, Lola de Miguel-Jiménez, David Pérez-Aguado, Mercedes Machuca-Ostos, Francisco Navarro, María José Chávez, José E. Pérez-Ortín and Sebastián Chávez Título: The mRNA degradation factor Xrn1 regulates transcription elongation in parallel to Ccr4. *Revista Nucleic Acids Research*. Volumen en prensa. 2019
  57. Payán-Bravo L, Peñate X, Chávez S Título: Functional Contributions of Prefoldin to Gene Expression. *Adv Exp Med Biol*. Volumen: 1106 Páginas, inicial: 1 final: 10.Fecha: 2018. Editorial Springer Nature. Basilea (Suiza)
  58. Maya Miles D, Peñate X, Sanmartín Olmo T, Jourquin F, Muñoz Centeno MC, Mendoza M, Simon MN, Chavez S, Geli V. Título: High levels of histones promote whole-genome-duplications and trigger a Swe1dependent phosphorylation of Cdc28. *Revista:eLife*. Volumen 7. Páginas, inicial: pii: e35337. 2018.
  59. de la Cruz J, Gómez-Herreros F, Rodríguez-Galán O, Begley V, de la Cruz Muñoz-Centeno M, Chávez S. Título: Feedback regulation of ribosome assembly. *Revista : Current Genetics*. 64: 393-404. 2018

60. Martínez-Fernández V, Garrido-Godino AI, Mirón-García MC, Begley V, Fernández-Pévida A, de la Cruz J, Chávez S, Navarro F. Título: Rpb5 modulates the RNA polymerase II transition from initiation to elongation by influencing Spt5 association and backtracking. Revista: Biochim Biophys Acta- Gene regulatory mechanisms. Volumen: 1861. . Páginas,inicial1,final:13. 2018.
61. Gutiérrez G, Millán-Zambrano G, Medina DA, Jordán-Pla A, Pérez-Ortín JE, Peñate X, Chávez S. Título: Subtracting the sequence bias from partially digested MNase-seq data reveals a general contribution of TFIIIS to nucleosome positioning. Revista : Epigenetics and Chromatin.Volumen: 10Página: 58.2017
62. Autores (p.o. de firma): Silva A, Cavero S, Begley V, Solé C, Böttcher R, Chávez S, Posas F, de Nadal E. Título: Regulation of transcription elongation in response to osmstress. Revista : PLoS Genetics.Volumen: 13 Páginas, inicial: e1007090. Fecha: 2017.
63. Mena A, Medina DA, García-Martínez J, Begley V, Singh A, Chávez S, Muñoz- Centeno MC, Pérez-Ortín JE. Título: Asymmetric cell division requires specific mechanisms for adjusting global transcription. Revista : Nucleic Acids Research. Volumen: 45. Páginas, inicial: 12401final: 12412. 2017.
64. Gómez-Herreros F, Margaritis T, Rodríguez-Galán O, Pelechano V, Begley V, Millán- Zambrano G, Morillo-Huesca M, Muñoz-Centeno MC, Pérez-Ortín JE, de la Cruz J, Holstege FCP, Chávez S. Título: The ribosome assembly gene network is controlled by the feedback regulation of transcription elongation. Revista : Nucleic Acids Research. Volumen:45. Páginas, inicial: 9302 final: 9318. 2017.
65. García-Martínez J, Trolé K, Chávez S\*, Pérez-Ortín JE\*. Título: Growth rate controls mRNA turnover in steady and non-steady states. Revista: RNA Biology. Volumen: 13. Páginas, inicial: 1175-final: 1181. 2016.
66. Chávez S\*, García-Martínez J, Delgado-Ramos L, Pérez-Ortín JE\*. Título: The importance of controlling mRNA turnover during cell proliferation. Revista: Current Genetics.Volumen: 62. Páginas, inicial: 701,final: 710 . 2016.
67. Chávez S\* and Puerto-Camacho P. Título: Prefoldins. Revista: The Encyclopaedia of Life Sciences. DOI: 10.1002/9780470015902.a0026334. 2016.
68. García-Martínez J, Delgado-Ramos L, Ayala G, Pelechano V, Medina DA, Carrasco F, González R, Andrés-León E, Steinmetz L, Warringer J, Chávez S\*, Pérez-Ortín JE\*. Título: The cellular growth rate controls overall mRNA turnover, and modulates either transcription or degradation rates of particular gene regulons. Revista: Nucleic Acids Research. Volumen: 44. Páginas, inicial: 3643 final: 3658 Fecha: 2016.
69. Autores (p.o. de firma): González-Barríos M, Fierro-González JC, Krpelanova E, Mora-Lorca JA, Pedrajas JR, Peñate X, Chavez S, Swoboda P, Jansen G, Miranda-Vizuete A. Título: Cis- and Trans-Regulatory Mechanisms of Gene Expression in the ASJ Sensory Neuron of Caenorhabditis elegans. Revista: Genetics. Clave: A Volumen: 200 Páginas: 123-134 Fecha: 2015
70. Autores (p.o. de firma): Nadal-Ribelles M, Mas G, Millán-Zambrano G, Solé C, Ammerer G, Chávez S, Posas F, de Nadal E. Título: H3K4 Monomethylation Dictates Nucleosome Dynamics and Chromatin Remodeling at Stress- Responsive Genes. Revista: Nucleic Acids Research. Volumen: 43. Páginas: 4937-4949. 2015.
71. Autores (p.o. de firma): Jordán-Pla A, Gupta I, de Miguel-Jiménez L, Steinmetz LM, Chávez S, Pelechano V , Pérez-Ortín JE. Título: Chromatin-dependent regulation of RNA polymerases II and III activity throughout the transcription cycle. Revista: Nucleic Acids Research. Volumen: 43. Páginas, 787-802. 2015
72. Autores (p.o. de firma): Delgado-Ramos L, Marcos AT, Ramos-Guelfo MS, Sánchez-Barrionuevo L, Smet F, Chávez S, David Cánovas Título: Flow cytometry of microencapsulated colonies for genetics analysis of filamentous fungi. Revista G3: Genes, Genomes, Genetics.Volumen: 4.Páginas, 2271-2278. Fecha: 2014
73. Autores (p.o. de firma): Mirón-García MC, Garrido-Godino AI, Martínez-Fernández V, Fernández-Pevida A, Cuevas-Bermúdez A, Martín-Expósito M, Chávez S, de la Cruz J, Navarro F. Título: The yeast prefoldin-like URI-orthologue Bud27 associtaes with RSC nulceosome remodeler and modulates transcription Revista: Nucleic Acids Research.Volumen:42.Páginas, 9666-9676. doi: 10.1093/nar/gku685. 2014.
74. Autores (p.o. de firma): Millán-Zambrano G, Chávez S Título: Nuclear functions of prefoldin. Revista / libro: Open Biology. R Volumen: 4 Páginas, 140085 doi: 10.1098/rsob.140085. 2014.
75. Autores (p.o. de firma): Peñate X, Chávez S. Título: RNA polymerase II-dependent transcription in fungi and its interplay with mRNA decay Referencia revista / libro: In “Fungal RNA Biology” A

- Sesma and T von der Haar (Eds), Springer. Clave: CL Volumen: 5 Páginas, doi: 10.3389 Fecha: 2014.
76. Autores (p.o. de firma): Medina DA, Jordán-Pla A, Millán-Zambrano G, Chávez S, Choder M, Pérez-Ortín JE. Título: Cytoplasmic 5'-3' exonuclease Xrn1p is also a genome-wide transcription factor in yeast. Revista: *Frontiers in Genetics*. Volumen: 5:1. doi: 10.3389/fgene.2014.00001. 2014.
  77. Civit, S. Trigueros, S. Analysis of surface alignment of SWCNTs–DNA based nanobiosensors (2018). *Research in Medical and Engineering Sciences*. 6(5). 1-7
  78. Gelabert, P.; Olalde, I.; de-Dios, T.; Civit, S.; Lalueza-Fox, C (2017). Malaria was a weak selective force in ancient Europeans. *Sci. Rep.* 7, Article number: 1377
  79. Fernandez-Cassi X.; Silvera C.; Cervero-Arag, S.; Rusinol M.; Latif-Eugeni, F.; Bruguera- Casamada C.; Civit, S.; Araujo R.M.; Figueras, M.J.; Girones, R.; Bofill-Mas, S. (2016). Evaluation of the microbiological quality of reclaimed water produced from a lagooning system. *Environ Sci Pollut Res Int*. 23(16):16816-33
  80. Olalde, I.; Shroeder, H.; Sandoval-Velasco, M.; Vinner, L.; Lobn, I.; Ramirez, O.; Civit, S.; GarciaBorja, P.; Salazar-Garca, D.C.; Talamo, S.; Fullola, J.M.; Oms, F.X.; Pedro, M.; Martinez, P.; Sanz, M.; Daura, J.; Zilhao, J.; Marques-Bonet, T.; Gilbert, M.T.P.; Lalueza-Fox, C. (2015). A common genetic origin for early farmers from Mediterranean Cardial and Central European LBK cultures. *Mol Biol Evol*. 32(12):3132-42.
  81. Sarrion, P., Mellibovsky, L., Urreizti, R., Civit, S., Cols, N., Garcia-Giralt, N., Yoskovitz, G., Aranguren, A., del Rio, L., Guerri, R., Nogues, X., Diez-Perez, A., Grinberg, D., Balcells, S.(2014). Genetic analysis of high bone mass cases from the BARCOS cohort of Spanish postmenopausal women. *PLoS ONE* 9(4): e94607.
  82. Gomez-Sanchez, D., Olalde, I., Pierini, F., Matas-Lalueza, L., Gigli, E., Lari, M., Civit, S., Lozano, M., Verges, J.M., Caramelli, D., Ramrez, O., Lalueza-Fox, C. (2014). Mitochondrial DNA from El Mirador cave (Atapuerca, Spain) reveals the heterogeneity of Chalcolithic populations. *PLoS ONE* 9(8)
  83. Vilardell, M., Parra, G. and Civit, S. (2014). WISCOD: A statistical Web-enabled tool for the Identification of Significant Protein Coding Regions. *Biomed Res Int*. 282343.
  84. Título: Convergence to equilibrium of global weak solutions for a Cahn-Hilliard-Navier-Stokes vesicle model. Revista: *Zeitschrift für Angewandte Mathematik und Physik*. Año: 2019. Volumen: 70: 125. Autores: Climent-Ezquerria, Blanca; Guillén-González, Francisco.
  85. Título: On the convergence of spectral approximations for the heat convection equations. Revista: *Revista Matemática Complutense*. Año: 2016. Volumen: 29. Número: 2. Página inicial: 405. Página final: 422. Autores: Climent-Ezquerria, Blanca; Poblete-castellano, Mariano; Rojas-Medar, Marko Antonio. Índice de impacto (ISI): 1.121 Índice de impacto (SCImago): 1,306 Cuartil (SCImago): Q1
  86. Título: On Convergence of Galerkin spectral methods for a bioconvective flow. Revista: *Journal of Mathematical Fluid Mechanics*. Año: 2016. Autores: Climent-Ezquerria, Blanca; De Aguiar, Rogerio; Rojas-Medar, Marko Antonio; Rojas-medar, M. Drina.
  87. Título: A review of mathematical analysis of nematic and smectic-A liquid crystal models. Revista: *European Journal Of Applied Mathematics*. Año: 2014. Volumen: 1. Número: 25. Página inicial: 133. Página final: 153. Autores: Climent-Ezquerria, Blanca; Guillén-González, Francisco.
  88. Título: Convergence to equilibrium for smectic-A liquid crystals in 3D domains without constraints for the viscosity. Revista: *Nonlinear Analysis, Theory, Methods and Applications*. Año: 2014. Volumen: 102. Página inicial: 208. Página final: 219. Autores: Climent-Ezquerria, Blanca; Guillén-González, Francisco. Índice de impacto (ISI): 1.327 Índice de impacto (SCImago): 1,578 Cuartil (SCImago): Q1
  89. Título: *Epigenetic features of human telomeres*. Revista: *Nucleic Acids Research*. Año: 2018. Volumen: 46, 5. Páginas: 2347-2355. Autores: Cubiles de la Vega, María Dolores; Vega Palas, Miguel Ángel; Barroso, Sonia; Vaquero-Sedas, María Isabel; Enguix, Alicia; Aguilera, Andrés.
  90. Título: Influence measures in beta regression models through distance between distributions. Revista: *AStA. Advances in Statistical Analysis*. Año: 2018. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10182-018-00332-2>. Autores: Muñoz Pichardo, Juan M.; Moreno Rebollo, Juan Luis; Pino Mejías, Rafael; Cubiles de la Vega, María Dolores.
  91. Título: Fatty acid profile as a tool to trace the origin of beef in pasture- and grain-fed young bulls of Retinta breed. Revista: *Spanish JOurnal of Agricultural Research*. Año: 2017. Volumen: 15, 4. Autores: Horcada, A.; López, A.; Polvillo, O.; Pino, R.; Cubiles-de-la-Vega, D.; Tejerina, D.; García-Torres, S.
  92. Título: Journal segmentation and competitive position based on revenue management research publications. Revista: *Journal of Revenue and Pricing Management*. Año: 2017. Volumen: 16, 4.

- Página inicial: 1-17. Autores: Domingo Carrillo, Miguel Angel, Chávez Miranda, M<sup>a</sup> Esther, Cubiles de la Vega, Maria Dolores:
93. C Jogler; S Wiegand; DP Devos. 2019. Commentary: Manifold Routes to a Nucleus. *Frontiers in Microbiology*. 10-1198, pp.1-3.
  94. S Wiegand; DP Devos; C Jogler. 2019. Deep-cultivation of Planctomycetes uncovers their unique biology. *Nature Microbiology*. 5, pp.610-625.
  95. E Rivas-Marin; et al. 2019. Essentiality of sterol synthesis genes in the planctomycete bacterium *Gemmata obscuriglobus* *Nature communications*. 10-2916, pp.1-7.
  96. I irastorz-azcarate; et al. 2019. Live-cell structural biology to solve biological mechanisms: the example of the exocyst. *Structure*. 27-6, pp.886-892.
  97. TE Ebenezer; DP Devos; M Field. 2019. Transcriptome, proteome and draft genome of *Euglena gracilis*. *BMC Biology*. 17-11, pp.1-11.
  98. Guohong Albert Wu; et al. Genomics of the origin and evolution of Citrus. *Nature*. 554 - 7692, pp. 311 - 316. 15/02/2018. ISSN 1476-4687 DOI: 10.1038/nature25447. PMID: 29414943. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Relevant publication: Yes.
  99. Pedro G Ferreira; et al. The effects of death and post-mortem cold ischemia on human tissue transcriptomes. *Nature communications*. 9 - 1, pp. 490. 13/02/2018. ISSN 2041-1723 DOI: 10.1038/s41467-017-02772-x. PMID: 29440659. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Corresponding author: No. Relevant publication: Yes.
  100. Carlos S Casimiro Soriguer; Carlos Loucera; Javier Perez Florido; Daniel López López; Joaquin Dopazo. Antibiotic resistance and metabolic profiles as functional biomarkers that accurately predict the geographic origin of city metagenomics samples. *Biology direct*. 14 - 1, pp. 15. 20/08/2019. ISSN 1745-6150. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Corresponding author: Yes.
  101. Kasparas Petkevicius; Sam Virtue; Guillaume Bidault; Benjamin Jenkins; Cankut Çubuk; Cecilia Morgantini; Myriam Aouadi; Joaquin Dopazo; Mireille Serlie; Albert Koulman; Antonio Vidal Puig. Accelerated phosphatidylcholine turnover in macrophages promotes adipose tissue inflammation in obesity. *eLife*. 8, 16/08/2019. ISSN 2050-084X. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Corresponding author: No.
  102. Marina Esteban Medina; María Peña Chilet; Carlos Loucera; Joaquín Dopazo. Exploring the druggable space around the Fanconi anemia pathway using machine learning and mechanistic models. *BMC bioinformatics*. 20 - 1, pp. 370. 02/07/2019. ISSN 1471-2105. Type of production: Scientific paper. Corresponding author: Yes.
  103. Michael P Mendenet al. Community assessment to advance computational prediction of cancer drug combinations in a pharmacogenomic screen. *Nature communications*. 10 - 1, pp. 2674. 17/06/2019. ISSN 2041-1723. Type of production: Scientific paper. Corresponding author: No.
  104. Francisco Díez Fuertes et al. Association of a single nucleotide polymorphism in *ubxn6* gene with long term non progression phenotype in hiv-positive individuals. *Clinical microbiology and infection: the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*. 31/05/2019. ISSN 1469-0691. Type of production: Scientific paper.
  105. Daniel Perez Gil; Francisco J Lopez; Joaquin Dopazo; Pablo Marin Garcia; Augusto Rendon; Ignacio Medina. PyCellBase, an efficient python package for easy retrieval of biological data from heterogeneous sources. *BMC bioinformatics*. 20 - 1, pp. 159. 28/03/2019. ISSN 1471-2105.
  106. E Chacón Solano; C León; F Díaz; F García García; M García; M J Escámez; S Guerrero Aspizua; C J Conti; Á Mencía; L Martínez Santamaría; S Llames; M Pévida; J Carbonell Caballero; J A Puig Butillé; R Maseda; S Puig; R de Lucas; E Baselga; F Larcher; J Dopazo; M Del Río. Fibroblasts activation and abnormal extracellular matrix remodelling as common hallmarks in three cancer-prone genodermatoses. *The British journal of dermatology*. 181 - 3, pp. 512 - 522.
  107. Martin-Broto J; et al. Pazopanib for treatment of advanced malignant and dedifferentiated solitary fibrous tumour: a multicentre, single-arm, phase 2 trial. *The Lancet. Oncology*. 20, pp. 134 - 144. 20/01/2019. ISSN 1470-2045. DOI: 10.1016/S1470-2045(18)30676-4. PMID: 30578023.
  108. Cankut Çubuk; Marta R Hidalgo; Alicia Amadoz; Kinza Rian; Francisco Salavert; Miguel A Pujana; Francesca Mateo; Carmen Herranz; Jose Carbonell Caballero; Joaquín Dopazo. Differential metabolic activity and discovery of therapeutic targets using summarized metabolic pathway models. *NPJ systems biology and applications*. 5, pp. 7. 2019. ISSN 2056-7189.
  109. Cankut, Cankut; Hidalgo, Marta R.; Amadoz, Alicia; Pujana, Miguel A.; Mateo, Francesca; Herranz, Carmen; Carbonell-Caballero, Jose; Dopazo, Joaquin. Gene Expression Integration into Pathway Modules Reveals a Pan-Cancer Metabolic Landscape. *CANCER RESEARCH*. 78 - 21, pp. 6059 - 6072. 01/11/2018. ISSN 0008-5472.

110. Fourati, Slim; Taa, et al. crowdsourced analysis to identify ab initio molecular signatures predictive of susceptibility to viral infection. *NATURE COMMUNICATIONS*. 9, Resp Viral DREAM Challenge Consortium, 24/10/2018. ISSN 2041-1723.
111. Ibanez, Mariam; Carbonell-Caballero, Jose; Such, Esperanza; Garcia-Alonso, Luz; Liguori, Alessandro; Lopez-Pavia, Maria; Llop, Marta; Alonso, Carmen; Barragan, Eva; Gomez-Segui, Ines; Neef, Alexander; Hervas, David; Montesinos, Pau; Sanz, Guillermo; Angel Sanz, Miguel; Dopazo, Joaquin; Cervera, Jose. The modular network structure of the mutational landscape of Acute Myeloid Leukemia. *PLOS ONE*. 13 - 10, 10/10/2018. ISSN 1932-6203.
112. Rodriguez Hernaez, Javier; Ceron Cucchi, Maria Esperanza; Cravero, Silvio; Carolina Martinez, Maria; Gonzalez, Sergio; Puebla, Andrea; Dopazo, Joaquin; Farber, Marisa; Paniego, Norma; Rivarola, Maximo. The first complete genomic structure of *Butyrivibrio fibrisolvens* and its chromid. *MICROBIAL GENOMICS*. 4 - 10, 10/2018. ISSN 2057-5858.
113. Hidalgo, Marta R.; Amadoz, Alicia; Cubuk, Cankut; Carbonell-Caballero, Jose; Dopazo, Joaquin. Models of cell signaling uncover molecular mechanisms of high-risk neuroblastoma and predict disease outcome. *BIOLOGY DIRECT*. 13, 22/08/2018. ISSN 1745-6150.
114. Alicia Amadoz; Marta Hidalgo; Cankut Çubuk; Jose Carbonell-Caballero; Joaquin Dopazo. A comparison of mechanistic signaling pathway activity analysis methods. *Briefings in Bioinformatics*. Epub ahead of print, 03/06/2018.
115. Joaquin Dopazo; Cesim Erten. Graph-theoretical comparison of normal and tumor networks in identifying BRCA genes. *BMC systems biology*. 11 - 1, pp. 110. 22/11/2017. ISSN 1752-0509. DOI: 10.1186/s12918-017-0495-0. PMID: 29166896.
116. José Carbonell Caballero; Alicia Amadoz; Roberto Alonso; Marta R Hidalgo; Cankut Çubuk; David Conesa; Antonio López Quílez; Joaquín Dopazo. Reference genome assessment from a population scale perspective: an accurate profile of variability and noise. *Bioinformatics (Oxford, England)*. 33 - 22, pp. 3511 - 3517. 15/11/2017. ISSN 1367-4811. DOI: 10.1093/bioinformatics/btx482. PMID: 28961772.
117. Gonzalo Gómez López; Joaquín Dopazo; Juan C Cigudosa; Alfonso Valencia; Fátima Al Shahrour. Precision medicine needs pioneering clinical bioinformaticians. *Briefings in bioinformatics*. 25/10/2017. ISSN 1477-4054 DOI: 10.1093/bib/bbx144. PMID: 29077790.
118. José M Juanes; Asunción Gallego; Joaquín Tárraga; Felipe J Chaves; Pablo Marín García; Ignacio Medina; Vicente Arnau; Joaquín Dopazo. VISMMapper: ultra-fast exhaustive cartography of viral insertion sites for gene therapy. *BMC bioinformatics*. 18 - 1, pp. 421. 20/09/2017. ISSN 1471-2105. DOI: 10.1186/s12859-017-1837-z. PMID: 28931371.
119. Sebastián Moschen; Julio A Di Rienzo; Janet Higgins; Takayuki Tohge; Mutsumi Watanabe; Sergio González; Máximo Rivarola; Francisco García García; Joaquin Dopazo; H Esteban Hopp; Rainer Hoefgen; Alisdair R Fernie; Norma Paniego; Paula Fernández; Ruth A Heinz. Integration of transcriptomic and metabolic data reveals hub transcription factors involved in drought stress response in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Plant molecular biology*. 94 - 4-5, pp. 549 - 564. 07/2017. ISSN 1573-5028. DOI: 10.1007/s11103-017-0625-5. PMID: 28639116.
120. Javier Lopez; Jacobo Coll; Matthias Haimel; Swaathi Kandasamy; Joaquin Tarraga; Pedro Furio Tari; Wasim Bari; Marta Bleda; Antonio Rueda; Stefan Gräf; Augusto Rendon; Joaquin Dopazo; Ignacio Medina. HGVA: the Human Genome Variation Archive. *Nucleic acids research*. 23/05/2017. ISSN 1362-4962. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Corresponding author: Yes. Impact source: SCOPUS. Category: Biochemistry, Genetics and Molecular Biology (miscellaneous).
121. Neus Roca Ayats; Susana Balcells; Natàlia Garcia Giral; Maite Falcó Mascaró; Núria Martínez Gil; Josep F Abril; Roser Urreiziti; Joaquín Dopazo; José M Quesada Gómez; Xavier Nogués; Leonardo Mellibovsky; Daniel Prieto Alhambra; James E Dunford; Muhammad K Javaid; R Graham Russell; Daniel Grinberg; Adolfo Díez Pérez. GGPS1 Mutation and Atypical Femoral Fractures with Bisphosphonates. *The New England journal of medicine*. 376- 18, pp. 1794 - 1795. 04/05/2017. ISSN 1533-4406.
122. Ricardo Olanda; Mariano Pérez; Juan M Orduña; Joaquín Tárraga; Joaquín Dopazo. A new parallel pipeline for DNA methylation analysis of long reads datasets. *BMC bioinformatics*. 18 - 1, pp. 161. 09/03/2017. ISSN 1471-2105.
123. Hongsheng Gui; et al. Whole exome sequencing coupled with unbiased functional analysis reveals new Hirschsprung disease genes. *Genome biology*. 18 - 1, pp. 48. 08/03/2017. ISSN 1474-760X. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
124. Sergio Gonzalez; Bernardo Clavijo; Máximo Rivarola; Patricio Moreno; Paula Fernandez; Joaquín Dopazo; Norma Paniego. ATGC transcriptomics: a web-based application to integrate, explore and

- analyze de novo transcriptomic data. *BMC bioinformatics*. 18 - 1, pp. 121.
125. Joan Anton Puig Butille; Pol Gimenez Xavier; Alessia Visconti; Jérémie Nsengimana; Francisco García García; Gemma Tell Marti; Maria José Escamez; Julia Newton Bishop; Veronique Bataille; Marcela Del Río; Joaquín Dopazo; Mario Falchi; Susana Puig. Genomic expression differences between cutaneous cells from red hair color individuals and black hair color individuals based on bioinformatic analysis. *Oncotarget*. 8 - 7, pp. 11589 - 11599. 14/02/2017. ISSN 1949-2553.
  126. Leslie Matalonga; Miren Bravo; Carla Serra Peinado; Elisabeth García Pelegrí; Olatz Ugarteburu; Silvia Vidal; Maria Llambrich; Ester Quintana; Pedro Fuster Jorge; Maria Nieves Gonzalez Bravo; Sergi Beltran; Joaquin Dopazo; Francisco García García; François Foulquier; Gert Matthijs; Philippa Mills; Antonia Ribes; Gustavo Egea; Paz Briones; Frederic Tort; Marisa Girós. Mutations in TRAPPC11 are associated with a congenital disorder of glycosylation. *Human mutation*. 38 - 2, pp. 148 - 151. 02/2017. ISSN 1098-1004.
  127. Marta R Hidalgo; Cankut Cubuk; Alicia Amadoz; Francisco Salavert; José Carbonell Caballero; Joaquin Dopazo. High throughput estimation of functional cell activities reveals disease mechanisms and predicts relevant clinical outcomes. *Oncotarget*. 8 - 3, pp. 5160 - 5178. 17/01/2017. ISSN 1949-2553.
  128. Matias M Falco; Marta Bleda; José Carbonell Caballero; Joaquín Dopazo. The pan-cancer pathological regulatory landscape. *Scientific reports*. 6, pp. 39709. 21/12/2016. ISSN 2045-2322.
  129. Javier Prieto; Marian León; Xavier Ponsoda; Francisco García García; Roque Bort; Eva Serna; Manuela Barneo Muñoz; Francesc Palau; Joaquin Dopazo; Carlos López García; Josema Torres. Dysfunctional mitochondrial fission impairs cell reprogramming. *Cell cycle (Georgetown, Tex.)*. 15 - 23, pp. 3240 - 3250. 12/2016. ISSN. 1551-4005.
  130. Mario Lucariello; Enrique Vidal; Silvia Vidal; Mauricio Saez; Laura Roa; Dori Huertas; Mercè Pineda; Esther Dalfó; Joaquin Dopazo; Paola Jurado; Judith Armstrong; Manel Esteller. Whole exome sequencing of Rett syndrome-like patients reveals the mutational diversity of the clinical phenotype. *Human genetics*. 135 - 12, pp. 1343 - 1354. (Germany): 12/2016. ISSN 1432-1203.
  131. M Corton; A Avila Fernández; L Campello; M Sánchez; B Benavides; M I López Molina; L Fernández Sánchez; R Sánchez Alcudia; L R J da Silva; N Reyes; E Martín Garrido; O Zurita; P Fernández San José; R Pérez Carro; F García García; J Dopazo; B García Sandoval; N Cuenca; C Ayuso. Identification of the Photoreceptor Transcriptional Co-Repressor SAMD11 as Novel Cause of Autosomal Recessive Retinitis Pigmentosa. *Scientific reports*. 6, pp. 35370.
  132. Francisco Salavert; Luz García Alonso; Rubén Sánchez; Roberto Alonso; Marta Bleda; Ignacio Medina; Joaquín Dopazo. Web-based network analysis and visualization using CellMaps. *Bioinformatics (Oxford, England)*. 32 - 19, pp. 3041 - 3043. 01/10/2016. ISSN 1367-4811. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Corresponding author: Yes.
  133. Francisco García García; Joaquín Panadero; Joaquín Dopazo; David Montaner. Integrated gene set analysis for microRNA studies. *Bioinformatics (Oxford, England)*. 32 - 18, pp. 2809 - 2816. 15/09/2016. ISSN 1367-4811.
  134. Julien Lagarde; Barbara Uszczyńska Ratajczak; Javier Santoyo Lopez; Jose Manuel Gonzalez; Electra Tapanari; Jonathan M Mudge; Charles A Steward; Laurens Wilming; Andrea Tanzer; Cédric Howald; Jacqueline Chrast; Alicia Vela Boza; Antonio Rueda; Francisco J Lopez Domingo; Joaquin Dopazo; Alexandre Reymond; Roderic Guigó; Jennifer Harrow. Extension of human lncRNA transcripts by RACE coupled with long-read high-throughput sequencing (RACE-Seq). *Nature communications*. 7, pp. 12339. 17/08/2016. ISSN 2041-1723.
  135. Francisco Salavert; Marta R Hidalgo; Alicia Amadoz; Cankut Çubuk; Ignacio Medina; Daniel Crespo; Jose Carbonell Caballero; Joaquín Dopazo. Actionable pathways: interactive discovery of therapeutic targets using signaling pathway models. *Nucleic acids research*. 44 - W1, pp. W212. 08/07/2016. ISSN 1362-4962.
  136. I Medina; J Tárraga; H Martínez; S Barrachina; M I Castillo; J Paschall; J Salavert Torres; I Blanquer Espert; V Hernández García; E S Quintana Ortí; J Dopazo. Highly sensitive and ultrafast read mapping for RNA-seq analysis. *DNA research : an international journal for rapid publication of reports on genes and genomes*. 23 - 2, pp. 93 - 193. 04/2016. ISSN 1756-1663.
  137. Olalla Maroñas; Ana Latorre; Joaquín Dopazo; Munir Pirmohamed; Cristina Rodríguez Antona; Gérard Siest; Ángel Carracedo; Adrián LLerena. Progress in pharmacogenetics: consortiums and new strategies. *Drug metabolism and personalized therapy*. 31 - 1, pp. 17 - 40.
  138. Vincenzo Lupo; Francisco García García; Paula Sancho; Cristina Tello; Mar García Romero; Liliana Villarreal; Antonia Alberti; Rafael Sivera; Joaquín Dopazo; Samuel I Pascual Pascual; Celedonio Márquez Infante; Carlos Casasnovas; Teresa Sevilla; Carmen Espinós. Assessment of Targeted Next-

- Generation Sequencing as a Tool for the Diagnosis of Charcot-Marie-Tooth Disease and Hereditary Motor Neuropathy. *The Journal of molecular diagnostics: JMD*. 18 - 2, pp. 225 - 259. 03/2016.
139. Valentina Sanghez; Cankut Cubuk; Patricia Sebastián Leon; Stefania Carobbio; Joaquin Dopazo; Antonio Vidal Puig; Alessandro Bartolomucci. Chronic subordination stress selectively downregulates the insulin signaling pathway in liver and skeletal muscle but not in adipose tissue of male mice. *Stress (Amsterdam, Netherlands)*. 19 - 2, pp. 214 - 238. 03/2016. ISSN 1607-8888.
140. Leonor Puchades Carrasco; Eloisa Jantus Lewintre; Clara Pérez Rambla; Francisco García García; Rut Lucas; Silvia Calabuig; Ana Blasco; Joaquín Dopazo; Carlos Camps; Antonio Pineda Lucena. Serum metabolomic profiling facilitates the non-invasive identification of metabolic biomarkers associated with the onset and progression of non-small cell lung cancer. *Oncotarget*. 12/02/2016.
141. Sebastián Moschen; Sofía Bengoa Luoni; Julio A Di Rienzo; María Del Pilar Caro; Takayuki Tohge; Mutsumi Watanabe; Julien Hollmann; Sergio González; Máximo Rivarola; Francisco García García; Joaquin Dopazo; Horacio Esteban Hopp; Rainer Hoefgen; Alisdair R Fernie; Norma Paniego; Paula Fernández; Ruth A Heinz. Integrating transcriptomic and metabolomic analysis to understand natural leaf senescence in sunflower. *Plant biotechnology journal*. 14 - 2, pp. 719 - 753. 02/2016.
142. Joaquín Dopazo; Alicia Amadoz; Marta Bleda; Luz Garcia Alonso; Alejandro Alemán; Francisco García García; Juan A Rodriguez; Josephine T Daub; Gerard Muntané; Antonio Rueda; Alicia Vela Boza; Francisco J López Domingo; Javier P Florido; Pablo Arce; Macarena Ruiz Ferrer; Cristina Méndez Vidal; Todd E Arnold; Olivia Spleiss; Miguel Alvarez Tejado; Arcadi Navarro; Shomi S Bhattacharya; Salud Borrego; Javier Santoyo López; Guillermo Antiñolo. 267 Spanish Exomes Reveal Population-Specific Differences in Disease-Related Genetic Variation. *Molecular biology and evolution*. 13/01/2016. ISSN 1537-1719.
143. Marta Carretero; Sara Guerrero Aspizua; Nuria Illera; Victoria Galvez; Manuel Navarro; Francisco García García; Joaquin Dopazo; Jose Luis Jorcano; Fernando Larcher; Marcela Del Rio. Differential Features between Chronic Skin Inflammatory Diseases Revealed in Skin-Humanized Psoriasis and Atopic Dermatitis Mouse Models. *The Journal of investigative dermatology*. 136 - 1, pp. 136 - 181. 01/2016.
144. Teresa Sevilla; Vincenzo Lupo; Dolores Martínez Rubio; Paula Sancho; Rafael Sivera; María J Chumillas; Mar García Romero; Samuel I Pascual Pascual; Nuria Muelas; Joaquín Dopazo; Juan J Vílchez; Francesc Palau; Carmen Espinós. Mutations in the MORC2 gene cause axonal Charcot-Marie-Tooth disease. *Brain: a journal of neurology*. 139 - Pt 1, pp. 62 - 134. 01/2016
145. Roser Urreiziti; Neus Roca Ayats; Judith Trepát; Francisco Garcia Garcia; Alejandro Aleman; Daniela Orteschi; Giuseppe Marangi; Giovanni Neri; John M Opitz; Joaquin Dopazo; Bru Cormand; Lluïsa Vilageliu; Susana Balcells; Daniel Grinberg. Screening of CD96 and ASXL1 in 11 patients with Opitz C or Bohring-Opitz syndromes. *American journal of medical genetics. Part A*. 170 - 1, pp. 24 - 55. 01/2016. ISSN 1552-4833.
146. Maria Razzoli; Andrea Frontini; Allison Gurney; Eleonora Mondini; Cankut Cubuk; Liora S Katz; Cheryl Cero; Patrick J Bolan; Joaquin Dopazo; Antonio Vidal Puig; Saverio Cinti; Alessandro Bartolomucci. Stress-induced activation of brown adipose tissue prevents obesity in conditions of low adaptive thermogenesis. *Molecular metabolism*. 5 - 1, pp. 19 - 52. (Germany): 01/2016.
147. Joaquin Tarraga; Asunción Gallego; Vicente Arnau; Ignacio Medina; Joaquin Dopazo. HPG pore: an efficient and scalable framework for nanopore sequencing data. *BMC bioinformatics*. 17, pp. 107. 2016. ISSN 1471-2105
148. J V Sanchez Mut; H Heyn; E Vidal; S Moran; S Sayols; R Delgado Morales; M D Schultz; B Ansoleaga; P Garcia Esparcia; M Pons Espinal; M M de Lagran; J Dopazo; A Rabano; J Avila; M Dierssen; I Lott; I Ferrer; J R Ecker; M Esteller. Human DNA methylomes of neurodegenerative diseases show common epigenomic patterns. *Translational psychiatry*. 6, pp. e718. 2016.
149. Nereida Bravo Gil; Cristina Méndez Vidal; Laura Romero Pérez; María González Del Pozo; Enrique Rodríguez de la Rúa; Joaquín Dopazo; Salud Borrego; Guillermo Antiñolo. Improving the management of Inherited Retinal Dystrophies by targeted sequencing of a population-specific gene panel. *Scientific reports*. 6, pp. 23910. 2016. ISSN 2045-2322.
150. Mariam Ibáñez; José Carbonell Caballero; Luz García Alonso; Esperanza Such; Jorge Jiménez Almazán; Enrique Vidal; Eva Barragán; María López Pavía; Marta Llop; Iván Martín; Inés Gómez Seguí; Pau Montesinos; Miguel A Sanz; Joaquín Dopazo; José Cervera. The Mutational Landscape of Acute Promyelocytic Leukemia Reveals an Interacting Network of Co-Occurrences and Recurrent Mutations. *PloS one*. 11 - 2, pp. e0148346. 2016. ISSN 1932-6203.
151. Julia Hillung; Francisco García García; Joaquín Dopazo; José M Cuevas; Santiago F Elena. The transcriptomics of an experimentally evolved plant-virus interaction. *Scientific reports*. 6, pp. 24901.

2016. ISSN 2045-2322.
152. Lourdes Rodríguez de la Rosa; Hortensia Sánchez Calderón; Julio Contreras; Silvia Murillo Cuesta; Sandra Falagan; Carlos Avendaño; Joaquín Dopazo; Isabel Varela Nieto; Marta Milo. Comparative gene expression study of the vestibular organ of the Igf1 deficient mouse using whole-transcript arrays. *Hearing research*. 330 - Pt A, pp. 62 - 139. 12/2015. ISSN 1878-5891.
  153. T Sevilla; R Sivera; D Martínez Rubio; V Lupo; M J Chumillas; E Calpena; J Dopazo; J J Vílchez; F Palau; C Espinós. The EGR2 gene is involved in axonal Charcot-Marie-Tooth disease. *European journal of neurology*. 22 - 12, pp. 1548 - 1603. 12/2015. ISSN 1468-1331.
  154. Pilar Gil Ibañez; Francisco García García; Joaquín Dopazo; Juan Bernal; Beatriz Morte. Global Transcriptome Analysis of Primary Cerebrocortical Cells: Identification of Genes Regulated by Triiodothyronine in Specific Cell Types. *Cerebral cortex (New York, N.Y.: 1991)*. 02/11/2015. ISSN 1460-2199. Type of production: Scientific paper.
  155. M I Alvarez Mora; L Rodriguez Revenga; I Madrigal; F Garcia Garcia; M Duran; J Dopazo; X Estivill; M Milà. Deregulation of key signaling pathways involved in oocyte maturation in FMR1 premutation carriers with Fragile X-associated primary ovarian insufficiency. *Gene*. 571 - 1, pp. 52 - 59. 15/10/2015.
  156. Joaquín Tárraga; Mariano Pérez; Juan M Orduña; José Duato; Ignacio Medina; Joaquín Dopazo. A parallel and sensitive software tool for methylation analysis on multicore platforms. *Bioinformatics (Oxford, England)*. 31 - 19, pp. 3130 - 3138. 01/10/2015. ISSN 1367-4811.
  157. Eduard Porta Pardo; Luz Garcia Alonso; Thomas Hrabe; Joaquin Dopazo; Adam Godzik. A Pan-Cancer Catalogue of Cancer Driver Protein Interaction Interfaces. *PLoS computational biology*. 11 - 10, pp. e1004518. 10/2015. ISSN 1553-7358. Type of production: Scientific paper.
  158. Renata F Fonseca; Flávia M de Carvalho; Fernando A Poletta; David Montaner; Joaquin Dopazo; Juan C Mereb; Miguel A M Moreira; Hector N Seuanez; Alexandre R Vieira; Eduardo E Castilla; Iêda M Orioli. Family-based genome-wide association study in Patagonia confirms the association of the DMD locus and cleft lip and palate. *European journal of oral sciences*. 01/09/2015. ISSN 1600-0722.
  159. Jose Carbonell Caballero; Roberto Alonso; Victoria Ibañez; Javier Terol; Manuel Talon; Joaquin Dopazo. A Phylogenetic Analysis of 34 Chloroplast Genomes Elucidates the Relationships between Wild and Domestic Species within the Genus Citrus. *Molecular biology and evolution*. 32 - 8, pp. 2015 - 2050. 08/2015. ISSN 1537-1719.
  160. Almudena Avila Fernandez; et al. Whole-exome sequencing reveals ZNF408 as a new gene associated with autosomal recessive retinitis pigmentosa with vitreal alterations. *Human molecular genetics*. 24 - 14, pp. 4037 - 4085. 15/07/2015. ISSN 1460-2083.
  161. Rosa D Hernansaiz Ballesteros; Francisco Salavert; Patricia Sebastián León; Alejandro Alemán; Ignacio Medina; Joaquín Dopazo. Assessing the impact of mutations found in next generation sequencing data over human signaling pathways. *Nucleic acids research*. 43 - W1, pp. W270. 01/07/2015. ISSN 1362-4962.
  162. Roberto Alonso; Francisco Salavert; Francisco Garcia Garcia; Jose Carbonell Caballero; Marta Bleda; Luz Garcia Alonso; Alba Sanchis Juan; Daniel Perez Gil; Pablo Marin Garcia; Ruben Sanchez; Cankut Cubuk; Marta R Hidalgo; Alicia Amadoz; Rosa D Hernansaiz Ballesteros; Alejandro Alemán; Joaquin Tarraga; David Montaner; Ignacio Medina; Joaquin Dopazo. Babelomics 5.0: functional interpretation for new generations of genomic data. *Nucleic acids research*. 43 - W1, pp. W117. 01/07/2015. ISSN 1362-4962.
  163. Adam D Ewing; Kathleen E Houlahan; Yin Hu; Kyle Ellrott; Cristian Caloian; Takafumi N Yamaguchi; J Christopher Bare; Christine P'ng; Daryl Waggott; Veronica Y Sabelnykova; Michael R Kellen; Thea C Norman; David Haussler; Stephen H Friend; Gustavo Stolovitzky; Adam A Margolin; Joshua M Stuart; Paul C Boutros. Combining tumor genome simulation with crowdsourcing to benchmark somatic single-nucleotide-variant detection. *Nature methods*. 12 - 7, pp. 623 - 630. 07/2015. ISSN 1548-7105.
  164. María González-Del Pozo; Nereida Bravo Gil; Cristina Méndez Vidal; Ignacio Montero de-Espinosa; José M Millán; Joaquín Dopazo; Salud Borrego; Guillermo Antiñolo. Re-evaluation casts doubt on the pathogenicity of homozygous USH2A p.C759F. *American journal of medical genetics. Part A*. 167 - 7, pp. 1597 - 2197. 07/2015. ISSN 1552-4833.
  165. David Calzada; Miriam Aguerri; Selene Baos; David Montaner; Manuel Mata; Joaquín Dopazo; Joaquín Quiralte; Fernando Florido; Carlos Lahoz; Blanca Cárdbaba. Therapeutic targets for olive pollen allergy defined by gene markers modulated by Ole e 1-derived peptides. *Molecular immunology*. 64 - 2, pp. 252 - 313. 04/2015. ISSN 1872-9142.

166. Pablo Minguez; Ivica Letunic; Luca Parca; Luz Garcia Alonso; Joaquin Dopazo; Jaime Huerta Cepas; Peer Bork. PTMcode v2: a resource for functional associations of post-translational modifications within and between proteins. *Nucleic acids research*. 43 - Database issue, pp. D494. 01/2015. ISSN 1362-4962.
167. Atocha Romero; Francisco García García; Irene López Perolio; Gorka Ruiz de Garibay; José A García Sáenz; Pilar Garre; Patricia Ayllón; Esperanza Benito; Joaquín Dopazo; Eduardo Díaz Rubio; Trinidad Caldés; Miguel de la Hoya. BRCA1 Alternative splicing landscape in breast tissue samples. *BMC cancer*. 15, pp. 219. 2015. ISSN 1471-2407.
168. Héctor Martínez; Joaquín Tárraga; Ignacio Medina; Sergio Barrachina; Maribel Castillo; Joaquín Dopazo; Enrique S Quintana Ortí. Concurrent and Accurate Short Read Mapping on Multicore Processors. *IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics / IEEE, ACM*. 12 - 5, pp. 995 - 2002. 2015. ISSN 1557-9964. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
169. Berta Luzón Toro; Hongsheng Gui; Macarena Ruiz Ferrer; Clara Sze Man Tang; Raquel M Fernández; Pak-Chung Sham; Ana Torroglosa; Paul Kwong Hang Tam; Laura Espino Paisán; Stacey S Cherny; Marta Bleda; María Del Valle Enguix Riego; Joaquín Dopazo; Guillermo Antiñolo; María-Mercé García Barceló; Salud Borrego. Exome sequencing reveals a high genetic heterogeneity on familial Hirschsprung disease. *Scientific reports*. 5, pp. 16473. 2015.
170. José Salavert; Andrés Tomás; Joaquín Tárraga; Ignacio Medina; Joaquín Dopazo; Ignacio Blanquer. Fast inexact mapping using advanced tree exploration on backward search methods. *BMC bioinformatics*. 16, pp. 18. 2015.
171. Berta Luzón Toro; Marta Bleda; Elena Navarro; Luz García Alonso; Macarena Ruiz Ferrer; Ignacio Medina; Marta Martín Sánchez; Cristina Y Gonzalez; Raquel M Fernández; Ana Torroglosa; Guillermo Antiñolo; Joaquín Dopazo; Salud Borrego. Identification of epistatic interactions through genome-wide association studies in sporadic medullary and juvenile papillary thyroid carcinomas. *BMC medical genomics*. 8, pp. 83. 2015.
172. Javier Terol; Victoria Ibañez; José Carbonell; Roberto Alonso; Leandro H Estornell; Concetta Licciardello; Ivo G Gut; Joaquín Dopazo; Manuel Talon. Involvement of a citrus meiotic recombination TTC-repeat motif in the formation of gross deletions generated by ionizing radiation and MULE activation. *BMC genomics*. 16, pp. 69. 2015.
173. Alicia Amadoz; Patricia Sebastian Leon; Enrique Vidal; Francisco Salavert; Joaquin Dopazo. Using activation status of signaling pathways as mechanism-based biomarkers to predict drug sensitivity. *Scientific reports*. 5, pp. 18494. 2015. ISSN 2045-2322.
174. Joaquín Tárraga; Vicente Arnau; Héctor Martínez; Raul Moreno; Diego Cazorla; José Salavert Torres; Ignacio Blanquer Espert; Joaquín Dopazo; Ignacio Medina. Acceleration of short and long DNA read mapping without loss of accuracy using suffix array. *Bioinformatics (Oxford, England)*. 30 - 23, pp. 3396 - 3404.
175. Jair Tenorio; et al. A new overgrowth syndrome is due to mutations in RNF125. *Human mutation*. 35 - 12, pp. 1436 - 1477. 12/2014. ISSN 1098-1004.
176. F Javier Carmona; Veronica Davalos; Enrique Vidal; Antonio Gomez; Holger Heyn; Yutaka Hashimoto; Miguel Vizoso; Anna Martinez Cardus; Sergi Sayols; Humberto J Ferreira; Jose V Sánchez Mut; Sebastián Morán; Mireia Margelí; Eva Castella; Maria Berdasco; Olafur A Stefansson; Jorunn E Eyfjord; Eva Gonzalez Suarez; Joaquín Dopazo; Modesto Orozco; Ivo G Gut; Manel Esteller. A comprehensive DNA methylation profile of epithelial-to-mesenchymal transition. *Cancer research*. 74 - 19, pp. 5608 - 5627.
177. Sarah A Munro; et al. Assessing technical performance in differential gene expression experiments with external spike-in RNA control ratio mixtures. *Nature communications*. 5, pp. 5125. 25/09/2014. ISSN 2041-1723.
178. A comprehensive assessment of RNA-seq accuracy, reproducibility and information content by the Sequencing Quality Control Consortium. *Nature biotechnology*. 32 - 9, pp. 903 - 914. 09/2014. ISSN 1546-1696. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
179. E Calpena; D Martínez Rubio; J Arpa; J J García Peñas; D Montaner; J Dopazo; F Palau; C Espinós. A novel locus for a hereditary recurrent neuropathy on chromosome 21q21. *Neuromuscular disorders: NMD*. 24 - 8, pp. 660 - 665. 08/2014. ISSN 1873-2364.
180. Alejandro Alemán; Francisco Garcia Garcia; Ignacio Medina; Joaquín Dopazo. A web tool for the design and management of panels of genes for targeted enrichment and massive sequencing for clinical applications. *Nucleic acids research*. 42 - Web Server issue, pp. W83. 07/2014. ISSN 1362-4962.
181. Alejandro Alemán; Francisco Garcia Garcia; Francisco Salavert; Ignacio Medina; Joaquín Dopazo. A

- web-based interactive framework to assist in the prioritization of disease candidate genes in whole-exome sequencing studies. *Nucleic acids research*. 42 - Web Server issue, pp. W88. 07/2014. ISSN 1362-4962.
182. Francisco J López Domingo; Javier P Florido; Antonio Rueda; Joaquín Dopazo; Javier Santoyo Lopez. ngsCAT: a tool to assess the efficiency of targeted enrichment sequencing. *Bioinformatics* (Oxford, England). 30 - 12, pp. 1767- 1775. 15/06/2014. ISSN 1367-4811.
183. Eduardo Larriba; María D L A Jaime; José Carbonell Caballero; Ana Conesa; Joaquín Dopazo; Corey Nislow; José Martín Nieto; Luis Vicente Lopez Llorca. Sequencing and functional analysis of the genome of a nematode egg-parasitic fungus, *Pochonia chlamydosporia*. *Fungal genetics and biology: FG & B*. 65, pp. 69 - 149. 04/2014. ISSN 1096-0937.
184. Angels García Cazorla; et al. Two novel mutations in the BCKDK (branched-chain keto-acid dehydrogenase kinase) gene are responsible for a neurobehavioral deficit in two pediatric unrelated patients. *Human mutation*. 35 - 4, pp. 470 - 477. 04/2014. ISSN 1098-1004.
185. Joan Anton Puig Butille; María José Escámez; Francisco Garcia Garcia; Gemma Tell Marti; Àngels Fabra; Lucía Martínez Santamaría; Celia Badenas; Paula Aguilera; Marta Pevida; Joaquín Dopazo; Marcela del Río; Susana Puig. Capturing the biological impact of CDKN2A and MC1R genes as an early predisposing event in melanoma and non melanoma skin cancer. *Oncotarget*. 5 - 6, pp. 1439 - 1490. 30/03/2014.
186. María González Del Pozo; Cristina Méndez Vidal; Javier Santoyo Lopez; Alicia Vela Boza; Nereida Bravo Gil; Antonio Rueda; Luz García Alonso; Carmen Vázquez Marouschek; Joaquín Dopazo; Salud Borrego; Guillermo Antiñolo. Deciphering intrafamilial phenotypic variability by exome sequencing in a Bardet-Biedl family. *Molecular genetics & genomic medicine*. 2 - 2, pp. 124 - 157. 03/2014.
187. Joaquin Dopazo. Genomics and transcriptomics in drug discovery. *Drug discovery today*. 19 - 2, pp. 126 - 158. 02/2014. ISSN 1878-5832. Type of production: Scientific paper . Format: Journal.
188. Doubova, E. Fernández-Cara. *Some geometric inverse problems for the linear wave equation. Inverse Probl. Imaging* 9 (2015), no. 2, 371–393.
189. F. de la Hoz, A. Doubova, F. Vadillo. Persistence-time estimation for some stochastic SIS epidemic models. *Discrete Contin. Dyn. Syst. Ser. B* 20 (2015), no. 9, 2933–2947.
190. A. Doubova, F. Vadillo. Extinction-time for stochastic population models. *J. Comput. Appl. Math.* 295 (2016), 159–169.
191. A. Doubova, E. Fernández-Cara. Some Geometric Inverse Problems for the Lamé System with Applications in Elastography. *Appl Math Optim* (2018), 1-21. <https://doi.org/10.1007/s00245-018-9487-8>.
192. Gómez-Gálvez, P., Vicente-Munuera, P., Anbari, S., Tagua, A., Gordillo-Vazquez, C.M., Palacios, A.M., Velasco, A., Capitan-Agudo, C., Grima, C., Annese, V., Robles, R., Márquez, A., Buceta, J. # and Escudero, L.M. #. A quantitative principle to understand 3D self- organization in epithelial tubes. Under review in *EMBO J*.
193. Vicente-Munuera, P., Gómez-Gálvez, P., Tetley, R.J., Forja, C., Tagua, A., Letrán, M., Tozluoglu, M., Mao#, Y. and Escudero, L.M#. (2019). EpiGraph: an open-source platform to quantify epithelial organization. *Bioinformatics*. In Press. (# Corresponding authors) IF 4.531
194. Vicente-Munuera, P., Burgos-Panadero, R., Noguera, I., Navarro, S., Noguera, R. , Escudero, L.M. # (2019). The topology of Vitronectin: a complementary feature for neuroblastoma risk classification based on computer-aided detection. *International Journal of Cancer*, In press.
195. Gómez-Gálvez, P., Vicente-Munuera, P., Tagua, A., Forja, C., Castro, A.M., Letrán, M., Valencia-Expósito, A., Grima, C., Bermúdez-Gallardo, M., Serrano-Pérez-Higueras, O., Cavodeassi, F., Sotillos, S., Martín-Bermudo, M.D., Márquez, A., Buceta, J. and Escudero, L.M. (2018). Scutoids, a geometrical solution to three-dimensional packing of epithelia. *Nature Communications*, 9, 2960.
196. Sánchez-Gutiérrez, D., Sáez, A., Gómez-Gálvez, P., Paradas, C., Escudero, L.M. (2017). Rules of tissue packing involving different cell types: human muscle organization. *Sci. Rep.* 7, 40444.
197. Sánchez-Gutiérrez, D., Tozluoglu, M., Barry, J.D., Pascual, A., Mao, Y., Escudero, L.M. (2016). Fundamental physical cellular constraints drive self-organization of tissues. *EMBO Journal*. 35(1):77-88.
198. Álvarez-Quilón, A., Serrano-Benítez, A., Lieberman, J. A., Quintero, C., Sánchez- Gutiérrez, D., Escudero, L.M., Cortés-Ledesma, F. (2014). ATM specifically mediates repair of double-strand breaks with blocked DNA ends. *Nature Communications*. 5:3347. (IF 11.470).
199. Martin ME, et al (7/8). Minor compounds from virgin olive oil attenuate LPS-induced inflammation via visfatin-related gene modulation on primary human monocytes. *J Food Biochem*. 2019.

- Aug;43(8):e12941.
- 200.Montserrat-de la Paz S, et al (8/8). Monounsaturated Fatty Acids in a High-Fat Diet and Niacin Protect from White Fat Dysfunction in the Metabolic Syndrome. *ol Nutr Food Res*. 2019 Jul 25:e1900425.
  - 201.Gonzalo-Gobernado R, et al (10/11). Neuroprotective Effects of Diets Containing Olive Oil and DHA/EPA in a Mouse Model of Cerebral Ischemia. *Nutrients*. 2019 May 18;11(5). pii: E1109.
  - 202.Aparicio-Soto M, et al (5/7). Virgin olive oil and its phenol fraction modulate monocyte/macrophage functionality: a potential therapeutic strategy in the treatment of systemic lupus erythematosus. *Br J Nutr*. 2018 Sep;120(6):681-692.
  - 203.Millan-Linares MC, et al (2/8). Unsaponifiable fraction isolated from grape (*Vitis vinifera* L.) seed oil attenuates oxidative and inflammatory responses in human primary monocytes. *Food Funct*. 2018 Apr 25;9(4):2517-2523.
  - 204.Lopez S; et al. (2/5). A microRNA expression signature of the postprandial state in response to a high-saturated-fat challenge *J Nutr Biochem*. 2018. 57:45-55.IF: 4.668, (9/80, Q1)
  - 205.Montserrat-de la Paz S; et al. (3/6). Effects of immediate-release niacin and dietary fatty acids on acute insulin and lipid status in individuals with metabolic syndrome. *J Sci Food Agric*. 2018. 98:2194-200.
  - 206.Bermudez B, et al. (1/17)Leukocyte iNAMPT overexpression attenuates atherosclerosis by regulating PPAR $\gamma$ -dependent monocyte differentiation and function. *Arterioscler Thromb Vasc Biol*. 2017 Jun;37(6):1157-1167.
  - 207.Ortega-Gómez A, et al. . Postprandial triglyceride-rich lipoproteins promote lipid accumulation and apolipoprotein B-48 receptor transcriptional activity in human circulating and murine bone marrow neutrophils in a fatty acid-dependent manner. *Mol Nutr Food Res*. 2017 Sep;61(9)
  - 208.Montserrat-de la Paz S, et al. (2/8). “*Exogenous fatty acids and niacin on acute prostaglandin D2 production in human myeloid cells*”. *J Nutr Biochem*. 2017, 39: 22-31.
  - 209.Montserrat-de la Paz S, et al. (6/6). Niacin and its metabolites as master regulators of macrophage activation. *J Nutr Biochem*. 2017, 39; 40-47.
  - 210.Naranjo MC, et al (2/7). Dietary fatty acids on aortic root calcification in mice with metabolic syndrome.Considered both as equal authors. *Food & Funct*. 2017Apr 19;8(4):1468-1474.
  - 211.López-Igual R, Bernal-Bayard J, Rodríguez-Patón A, Ghigo JM and Mazel D (2019) “Engineered toxin–intein antimicrobials can selectively target and kill antibiotic-resistant bacteria in mixed populations”. *Nature Biotechnology*.
  - 212.Violinova-Krasteva P, Bernal-Bayard J, Travier L, Ariel-Martín F, Kaminski PA, Karimova G, Fronzes R and Ghigo JM (2017). “Insights into the structure and assembly of a bacterial cellulose secretion system”. *Nature Communications*.
  - 213.Bernal-Bayard J and Ramos-Morales F (2017). “Molecular mechanisms used by *Salmonella* to evade the immune system”. *Curr Issues Mol Biol* 25:133-168.
  - 214.Bernal-Bayard J, Gomez-Valero L, Wessel A, Khanna V, Bouchier C and Ghigo JM (2018) “Short genome report of cellulose-producing commensal *Escherichia coli* 1094”. *Stand in Genomic Sci* 13: 13.
  - 215.Zouhir S, Bernal-Bayard J, Cordero-Alba M, Cardenal-Muñoz E, Guimaraes B, Lazar N, Ramos-Morales F and Sylvie Nessler (2014). “The Structure of the SlrP-hTrx1 Complex Sheds Light on the Autoinhibition Mechanism of the Type III Secretion System Effectors of the NEL Family”. *Biochem J* 464,135-144.
  - 216.Blanquero, R.; Carrizosa, E.; Jiménez-Cordero, A.; Martín-Barragán, B. (2019). Variable Selection in Classification for Multivariate Functional Data. *Information Sciences* 481, 445-462. DOI: 10.1016/j.ins.2018.12.060
  - 217.Blanquero, R.; Carrizosa, E.; Jiménez-Cordero, A.; Martín-Barragán, B. (2019). Functional-bandwidth Kernel for Support Vector Machine with Functional Data: an Alternating Optimization Algorithm. *European Journal of Operational Research*, 275, 195-207. DOI: 10.1016/j.ejor.2018.11.024
  - 218.Benítez-Peña, S.; Blanquero, R.; Carrizosa, E.; Ramirez-Cobo, P. (2018). On support vector machines under a multiple-cost scenario. *Advances in Data Analysis and Classification*. DOI: 10.1007/s11634-018-0330-5
  - 219.Benítez-Peña, S.; Blanquero, R.; Carrizosa, E.; Ramirez-Cobo, P. (2018). Cost-sensitive Feature Selection for Support Vector Machines. *Computers & Operations Research* 106, 169-178. DOI: 10.1016/j.cor.2018.03.005
  - 220.Blanquero, R.; Carrizosa, E.; G.-Tóth, B. (2016). Maximal Covering Location Problems on networks

- with regional demand. *Omega* 64, 77-85
221. Bermúdez, S.; Blanquero, R. (2016). Optimisation models for degrouping population data. *Population Studies* 70(2), 259-272
222. Blanquero, R.; Carrizosa, E.; Chis, O.; Esteban, N.; Jiménez-Cordero, A.; Rodríguez, J.F.; Sillero-Denamiel, M.R. (2016). On extreme concentrations in chemical reaction networks with incomplete measurements. *Industrial & Engineering Chemistry Research* 55, 11417-11430.
223. Blanquero, R.; Carrizosa, E.; Jiménez-Cordero, M.A.; Rodríguez, J.F. (2016). A global optimization method for model selection in chemical reaction networks. *Computers & Chemical Engineering* 93, 52-62.
224. Blanquero, R.; Carrizosa, E.; Nogales-Gómez, A.; G.-Tóth, B. (2016). p-facility Huff location problem on networks. *European Journal of Operational Research* 255, 34-42.
225. Blanquero, R.; Carrizosa, E.; Nogales-Gómez, A.; Plastria, F. (2014). Single-facility Huff location problems on networks. *Annals of Operations Research* 222(1), 175-195.
226. José A. Alonso-Jiménez | Gonzalo A. Aranda-Corral | Joaquín Borrego-Díaz | M. Magdalena Fernández-Lebrón | M. José Hidalgo-Doblado, A logic-algebraic tool for reasoning with Knowledge-Based Systems, *Journal of Logical and Algebraic Methods in Programming* Volume 101, December 2018, Pages 88-109. *Semantics for Incident Identification and Resolution Reports*
227. Author(s): J. Borrego-Díaz, A.M. Chávez-González, J. L. Pro-Martín, Virginia Matos- Arana, *LOGIC JOURNAL OF THE IGPL* Volumen: 24 Número: 6, 916-932 (2016).
228. Las Matemáticas en el país de los datos (II): ¿Y las tres (cuatro) Vs?, Joaquín Borrego-Díaz, *Gaceta de la Real Sociedad Matemática Española*, Volumen 20, número 2 (2017).
229. Las Matemáticas en el país de los datos (I): De puntos a mónadas, Joaquín Borrego- Díaz, *Gaceta de la Real Sociedad Matemática Española*, Volumen 20, número 1 (2017).
230. Modeling Lexicon Emergence as Concept Emergence in Networks. Author(s): Aranda-Corral, Gonzalo A.; Borrego-Diaz Joaquin; Galan-Paez, Juan *Advances in Intelligent Systems and Computing*. ISSN: 2194-5357. Vol 427, p. 409-420. Springer-Verlag, 2016.
231. Formally Verified Tableau-Based Reasoners for a Description Logic. Author(s): Hidalgo-Doblado, M. J.; Alonso-Jimenez, J. A.; Borrego-Diaz, J.; et al. Source: *Journal of Automated Reasoning* Volume: 52 Issue: 3 Pages: 331-360
232. Azaïez, Mejdí; Ben Belgacem, Faker; Juan Casado Díaz; Tomás Chacón Rebollo; François Murat. An intrinsic Proper Generalized Decomposition for parametric symmetric elliptic problems. *SIAM Journal on Mathematical Analysis*. 50 - 5, pp. 5426 - 5445. 2018. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 1.528. Agencia de impacto: ISI.
233. Marc Briane; Juan Casado Díaz; Manuel Luna Laynez; Antonio Jesús Pallares Martín. Gamma-convergence of equi-coercive nonlinear energies defined on vector-valued functions, with non-uniformly bounded coefficients. *Nonlinear Analysis, Theory, Methods and Applications*. 151 - 1, pp. 187 - 207. 2017. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 1.291. Agencia de impacto: ISI
234. Juan Casado Díaz. A characterization result for the existence of a two-phase material minimizing the first eigenvalue. *l' Institut Henri Poincare. Annales (C). Analyse Non Lineaire*. 34, pp. 1215 - 1226. 2017. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 2.421. Agencia de impacto: ISI
235. Carmen Calvo Jurado; Juan Casado Díaz; Manuel Luna Laynez. Homogenization of nonlinear Dirichlet problems in random perforated domains. *Nonlinear Analysis, Theory, Methods and Applications*. 133, pp. 250 - 274. 2016. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 1.192. Agencia de impacto: ISI.
236. Marc Briane; Juan Casado Díaz. A new div-curl result. Applications to the homogenization of elliptic systems and to the weak continuity of the Jacobian. *Journal of Differential Equations*. 260 - 7, pp. 5678 - 5725. 2016. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 1.988. Agencia de impacto: ISI.
237. Calvo-Jurado, Carmen; Juan Casado Díaz; Manuel Luna Laynez. Homogenization of the Poisson equation in random perforated domains. *Journal of Computational and Applied Mathematics*. 275, pp. 375 - 381. 2015. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 1,328. Agencia de impacto: ISI
238. Juan Casado Díaz; Julio Couce Calvo; Faustino Maestre Caballero; José Domingo Martín Gómez. A corrector for a wave problem with periodic coefficients in a 1D bounded domain. *ESAIM: Control, Optimisation and Calculus of Variations*. 21, pp. 465 - 486. 2015. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 1,112. Agencia de impacto: ISI.
239. Casado-Díaz, Juan; JUAN CASADO DÍAZ. Some smoothness results for the optimal design of a two-composite material which minimizes the energy. *Calculus of Variations and Partial Differential Equations*. 53 - 3-4, pp. 649 - 673. 2015. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 1,555. Agencia de impacto: ISI.

240. Boccardo, Lucio; JUAN CASADO DÍAZ. G-convergence in a semilinear problem with a  $W^{1,1}_0$  solution. *Asymptotic analysis*. 93, pp. 65 - 74. 2015. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 0,414. Agencia de impacto: ISI.
241. Marc Briane; Juan Casado Díaz. A class of second-order linear elliptic equations with drift: renormalized solutions, uniqueness and homogenization. *Potential Analysis*. 43 - 3, pp. 399 - 413. 2015. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 0,956. Agencia de impacto: ISI.
242. Juan Casado Díaz. Some smoothness results for classical problems in optimal design and applications. *Chinese Annals of Mathematics. Series B*. 36B - 5, pp. 703 - 714. 2015. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 0,452. Agencia de impacto: ISI.
243. Juan Casado Díaz; Julio Couce Calvo; Faustino Maestre Caballero; José Domingo Martín Gómez. Homogenization and correctors for the wave equation with periodic coefficients. *Mathematical Models and Methods in Applied Sciences*. 24 - 7, pp. 1343 - 1388. 2014. Tipo de producción: Artículo. Índice de impacto: 3.094. Agencia de impacto: ISI.
244. Boccardo, Lucio; JUAN CASADO DÍAZ. Some properties of solutions of some semilinear elliptic singular problems and applications to the G-convergence. *Asymptotic analysis*. 86, pp. 1 - 15. 2014.
245. Juan Casado Díaz; Manuel Luna Laynez; François Murat. The behavior of a beam fixed on small parts of one of its extremities. *Discrete and Continuous Dynamical Systems. Series A*. 34 - 10, pp. 4039 - 4070. 2014.
246. Marc Briane; Juan Casado Díaz. Homogenization of systems with equiintegrable coefficients. *ESAIM: Control, Optimisation and Calculus of Variations*. 20, pp. 1214 - 1223. 2014.
247. JUAN CASADO DÍAZ; JULIO COUCE CALVO; JOSÉ DOMINGO MARTÍN GÓMEZ. Homogeneización y corrector para la ecuación de ondas con coeficientes periódicos. *Mathematical Models and Methods in Applied Sciences*. 24- 1, pp. 1343 - 1388. 2014.
248. Pérez-Ruiz JM, Guinea M, Puerto-Galán L, Cejudo FJ. (2014) NADPH thioredoxin reductase C is involved in redox regulation of the Mg-chelatase I subunit in *Arabidopsis thaliana* chloroplasts. *Molecular Plant* 7: 1252-1255
249. Ojeda V, Pérez-Ruiz JM, González M, Nájera VA, Sahrawy M, Serrato A, Geigenberger P, Cejudo FJ (2017) NADPH thioredoxin reductase C and thioredoxins act concertedly in seedling development. *Plant Physiol*. DOI:10.1104/pp.17.00481
250. Pérez-Ruiz JM, Naranjo B, Ojeda V, Guinea M and Cejudo FJ (2017) The NTRC- dependent redox balance of 2-Cys peroxiredoxins is needed for optimal function of the photosynthetic apparatus. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 114: 12069-12074
251. Ojeda, V., Pérez-Ruiz, J.M. y Cejudo F.J. (2018) [2-Cys peroxiredoxins participate in the oxidation of chloroplast enzymes in the dark](#). *Mol. Plant* 11: 1377-1388
252. P. Pérez, G. Huertas; A. Olmo, A. Maldonado-Jacobi, J. A. Serrano, M. E. Martín, P. Daza and A. Yúfera. Remote Cell Growth Sensing Using Self-Sustained Bio-Oscillations. *Sensors*, vol. 18 n° 8. Aug. 2018.
253. J. A. Serrano, G. Huertas, A. Maldonado-Jacobi, A. Olmo, P. Pérez, M. E. Martín, P. Daza and A. Yúfera. An Empirical-Mathematical Approach for Calibration and Fitting Cell-Electrode Electrical Models in Bioimpedance Tests. *Sensors*, vol. 18 n° 7 Jul, 2018.
254. P. Pérez, G. Huertas, A. Maldonado-Jacobi, M. Martín, J. A. Serrano, A. Olmo, P. Daza and A. Yúfera, Sensing Cell-Culture Assays with Low-Cost Circuitry. *Scientific Reports*, nature group. 8: 8841, 2018.
255. Klyonsky y col (Daza P 2503/447). Guidelines for the use and interpretation of assays for monitoring autophagy (3rd edition). *Autophagy* 12: 1 222. 2016.
256. Gavián E, Giráldez S, Sánchez-Aguayo I, Romero F, Ruano D\* and Daza P. Breast cancer cell line MCF7 escapes from G1/S arrest induced by proteasome inhibition through a GSK-3 $\beta$  dependent mechanism. *Scientific Reports* 5, 10027. 2015
257. Gavián E, Pintado C, Gavilan MP, Daza P, Sánchez-Aguayo I, Castaño A, Ruano D. Age-related dysfunctions of the autophagy lysosomal pathway in hippocampal pyramidal neurons under proteasome stress. *Neurobiology of Aging*. 36:1953-63. 2015
258. Enguix González, Alicia; Moreno Rebollo, Juan Luis; Muñoz Pichardo, Juan Manuel. *A better approximation of moments of the eigenvalues and eigenvectors of the sample covariance matrix*. *Journal of Multivariate Analysis*, 142. 2015. Pags. 133- 143.
259. Cubiles, María Dolores; Barroso, Sonia; Vaquero-Sedas, María I.; Enguix, Alicia, Aguilera, Andrés; Vega-Palas, Miguel Ángel. *Epigenetic features of human telomeres*. *Nucleic Acids Research*. Vol. 46, No. 5 2018. Pags. 2347–2355. Posición 10/292, Q1, índice de impacto 11,561. Categoría: Biochemistry & Molecular Biology.

260. Daniel Spalink, Jocelyn Pender, Marcial Escudero, Andrew Hipp, Eric Roalson, Julian Starr, Marcia Waterway, Lynn Bohs & Kenneth Sytsma. 2018. The spatial structure of phylogenetic and functional diversity in the United States and Canada: an example using the sedge family (Cyperaceae). *Journal of Systematics and Evolution*, 56, 449-465.
261. Marcial Escudero, Marlene Hahn & Andrew L. Hipp. 2018. RAD-seq linkage mapping and patterns of segregation distortion in sedges: Meiosis as a driver of karyotypic evolution in organisms with holocentric chromosomes. *Journal of Evolutionary Biology*, 31, 781–932.
262. Carmen Benítez-Benítez, Marcial Escudero, Francisco Rodríguez-Sánchez, Pedro Jiménez-Mejías & Santiago Martín-Bravo. 2018. Pliocene-Pleistocene ecological niche evolution shapes the phylogeography of a Mediterranean plant group. *Molecular Ecology*, 27, 1696–1713.
263. Enrique Maguilla, Marcial Escudero, Andrew Hipp & Modesto Luceño. 2017. Allopatric speciation despite historical gene flow: divergence and hybridization in *Carex furva* and *C. lucennoiberica* (Cyperaceae) inferred from plastid and nuclear RAD-seq data. *Molecular Ecology*, 26, 5646–5662.
264. Tamara Villaverde, Marcial Escudero, Modesto Luceño & Santiago Martín-Bravo. 2015. Long-distance dispersal during the middle late pleistocene explains the bipolar disjunction of *Carex maritima* (Cyperaceae). *Journal of Biogeography*, 42, 1820-1831.
265. Marcial Escudero, Deren A.R. Eaton, Marlene Hahn & Andrew Hipp. 2014. Genotyping-By-Sequencing as a tool to infer phylogeny and ancestral hybridization: A case study in *Carex* (Cyperaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 79, 359-367.
266. Contreras Sánchez-Matamoros R, Gil-Serrano AM, Espuny MR, Ollero FJ, Megías M, Rodríguez-Carvajal MA (2018). Structure of surface polysaccharides from *Aeromonas* sp. AMG272, a plant-growth promoting rhizobacterium isolated from rice rhizosphere. *Carbohydrate Research* 20;462:1-6. doi: 10.1016/j.carres.2018.03.012.
267. Del Cerro P, Rolla-Santos AA, Gomes DF, Marks BB, Espuny MR., Rodríguez-Carvajal MA, Soria-Díaz ME, Nakatani AS, Hungria M, Ollero FJ, Megías M. Opening the “black box” of nodD3, nodD4 and nodD5 genes of *Rhizobium tropici* strain CIAT 899. (2015) *BMC Genomics* 16(1): 864. doi: 10.1186/s12864-015-2033-z.
268. Alías-Villegas C, Cubo MT, Lara-Dampier V, Bellogín, RA., Camacho M, Temprano F and Espuny, MR. (2015) Rhizobial strains isolated from nodules of *Medicago marina* from the Southwest of Spain are abiotic-stress tolerant and symbiotically diverse. *Systematic and Applied Microbiology* 38(7): 506-514. DOI: 10.1016/j.syapm.2015.07.003.
269. del Castillo I, Ojeda J, Megías E, Manyani H, López-Baena FJ, Pérez-Montaño, Ramón A. Bellogín, María del Rosario Espuny, María Teresa Cubo, Francisco Javier Ollero, and Manuel Megías. (2015). Isolation of endophytic, epiphytic and rhizosphere plant growth-promoting bacteria from cultivated rice paddy soils of the Guadalquivir river marshes. *Global Advanced Research Journal of Agricultural Science*, 4(2): 127-136.
270. Pérez-Montaño F, Jiménez-Guerrero I, Del Cerro P, Baena-Ropero I, López-Baena FJ, Ollero FJ, Bellogín R, Lloret J and Espuny MR. (2014). The symbiotic biofilm of *Sinorhizobium fredii* SMH12, necessary for successful colonization and symbiosis of *Glycine max* cv Osumi, is regulated by Quorum Sensing systems and inducing flavonoids via NodD1. *PLoS One* Aug 28; 9(8). DOI: 10.1371/journal.pone.0105901.
271. Pérez-Montaño F, Alías-Villegas C, Bellogín RA, del Cerro P, Espuny MR, Jiménez-Guerrero I, López-Baena FJ, Ollero FJ, Cubo T. (2014). Plant growth promotion in cereal and leguminous agricultural important plants: from microorganism capacities to crop production. *Microbiological Research*. 169: 325-336.
272. Ashley, T., Carrizosa, E., Fernández-Cara, E. HelioStat field cleaning scheduling for Solar Power Tower plants: A heuristic approach (2019) *Applied Energy*, pp. 653-660.
273. Carvalho, Pitágoras P.; Fernández-Cara, Enrique. On the computation of Nash and Pareto equilibria for some bi-objective control problems. *J. Sci. Comput.* 78 (2019), no. 1, 246--273.
274. Fernández-Cara, Enrique; Maestre, Faustino. An inverse problem in elastography involving Lamé systems. *J. Inverse Ill-Posed Probl.* 26 (2018), no. 5, 589--605.
275. de Carvalho, Pitágoras Pinheiro; Fernández-Cara, Enrique. Weak-renormalized solutions for a simplified  $k-\epsilon$  model of turbulence. *Differential Integral Equations* 31 (2018), no. 11-12, 893--908.
276. Araruna, F. D.; Calsavara, B. M. R.; Fernández-Cara, E. Local exact controllability of two-phase field solidification systems with few controls. *Appl. Math. Optim.* 78 (2018), no. 2, 267--296.
277. Araruna, F. D.; Araújo, B. S. V.; Fernández-Cara, E. Stackelberg-Nash null controllability for some linear and semilinear degenerate parabolic equations. *Math. Control Signals Systems* 30 (2018), no. 3, Art. 14

278. Araruna, Fágner Dias; Fernández-Cara, Enrique; da Silva, Luciano Cipriano. Hierarchic control for the wave equation. *J. Optim. Theory Appl.* 178 (2018), no. 1, 264–288.
279. Fernández-Cara, Enrique; Límaco, Juan; Prouvé, Laurent. Optimal control of a two-equation model of radiotherapy. *Math. Control Relat. Fields* 8 (2018), no. 1, 117–133.
280. Demarque, Reginaldo; Fernández-Cara, Enrique. Local null controllability of one-phase Stefan problems in 2D star-shaped domains. *J. Evol. Equ.* 18 (2018), no. 1, 245–261.
281. Fernández-Cara, Enrique; Prouvé, Laurent. Optimal control of mathematical models for the radiotherapy of gliomas: the scalar case. *Comput. Appl. Math.* 37 (2018), no. 1, 745–762.
282. Ashley, T., Carrizosa, E., Fernández-Cara, E. Optimisation of aiming strategies in Solar Power Tower plants (2017) *Energy*, 137, pp. 285-291.
283. Carrizosa, E., Domínguez-Bravo, C.-A., Fernández-Cara, E., Quero, M. An optimization tool to design the field of a solar power tower plant allowing heliostats of different sizes (2017) *International Journal of Energy Research*, 41 (8), pp. 1096-1107.
284. Fernández-Cara, E.; De Sousa, I.T.; Viera, F.B. Remarks concerning the approximate controllability of the 3D Navier-Stokes and Boussinesq systems. *SeMA J.* 74 (2017), no. 3, 237–253.
285. Fernández-Cara, E.; De Sousa, I. T. Local null controllability of a free-boundary problem for the viscous Burgers equation. *SeMA J.* 74 (2017), no. 4, 411–427.
286. Fernández-Cara, Enrique; Nina-Huamán, Dany; Nuñez-Chávez, Miguel R.; Vieira, Franciane B. On the theoretical and numerical control of a one-dimensional nonlinear parabolic partial differential equation. *J. Optim. Theory Appl.* 175 (2017), no. 3, 652–682.
287. Cavalcanti, M. M.; Fernández-Cara, E.; Ferreira, A. L. Null controllability of some nonlinear degenerate 1D parabolic equations. *J. Franklin Inst.* 354 (2017), no. 14, 6405–6421.
288. Fernández-Cara, Enrique; de Sousa, Ivaldo Tributino. Local null controllability of a free-boundary problem for the semilinear 1D heat equation. *Bull. Braz. Math. Soc. (N.S.)* 48 (2017), no. 2, 303–315.
289. Araruna, F. D.; Fernández-Cara, E.; Guerrero, S.; Santos, M. C. New results on the Stackelberg- Nash exact control of linear parabolic equations. *Systems Control Lett.* 104 (2017), 78–85.
290. Fernández-Cara, Enrique; Münch, Arnaud; Souza, Diego A. On the numerical controllability of the two-dimensional heat, Stokes and Navier-Stokes equations. *J. Sci. Comput.* 70 (2017), no. 2, 819–858.
291. Fernández-Cara, E.; Limaco, J.; de Menezes, S.B. Controlling linear and semilinear systems formed by one elliptic and two parabolic PDEs with one scalar control. *ESAIM Control Optim. Calc. Var.* 22 (2016), no. 4, 1017–1039.
292. Fernández-Cara, Enrique; Lü, Qi; Zuazua, Enrique. Null controllability of linear heat and wave equations with nonlocal spatial terms. *SIAM J. Control Optim.* 54 (2016), no. 4, 2009–2019.
293. Fernández-Cara, E.; Santos, M.C.; Souza, D.A. Boundary controllability of incompressible Euler fluids with Boussinesq heat effects. *Math. Control Signals Systems* 28 (2016), no. 1, Art. 7, 28 pp.
294. Fernández-Cara, E.; Limaco, J.; de Menezes, S.B. On the controllability of a free-boundary problem for the 1D heat equation. *Systems Control Lett.* 87 (2016), 29–35.
295. Carrizosa, E., Domínguez-Bravo, C., Fernández-Cara, E., Quero, M. Optimization of multiple receivers solar power tower systems (2015) *Energy*, 90, pp. 2085-2093.
296. Fernández-Cara, E.; Límaco, J.; de Menezes, S. B. Theoretical and numerical local null controllability of a Ladyzhenskaya-Smagorinsky model of turbulence. *J. Math. Fluid Mech.* 17 (2015), no. 4, 669–698.
297. Fernández-Cara, E.; González-Burgos, M.; de Teresa, L. Controllability of linear and semilinear non-diagonalizable parabolic systems. *ESAIM Control Optim. Calc. Var.* 21 (2015), no. 4, 1178–1204.
298. Araruna, F. D.; Fernández-Cara, E.; Santos, M. C. Stackelberg-Nash exact controllability for linear and semilinear parabolic equations. *ESAIM Control Optim. Calc. Var.* 21 (2015), no. 3, 835–856.
299. Fernández-Cara, Enrique; Doubova, Anna. Some geometric inverse problems for the linear wave equation. *Inverse Probl. Imaging* 9 (2015), no. 2, 371-393.
300. Carrizosa, E.; Domínguez-Bravo, C.; Fernández-Cara, E.; Quero, M. A heuristic method for simultaneous tower and pattern-free field optimization on solar power systems. *Comput. Oper. Res.* 57 (2015), 109-122.
301. Fernández-Cara, Enrique; Santos, Mauricio C. Numerical null controllability of the 1D linear Schrödinger equation. *Systems Control Lett.* 73 (2014), 33-41.
302. Araruna, Fágner D.; Fernández-Cara, Enrique; Souza, Diego A. Uniform local null control of the Leray- $\alpha$  model. *ESAIM Control Optim. Calc. Var.* 20 (2014), no. 4, 1181-1202.
303. Fernández-Cara, Enrique; Münch, Arnaud. Numerical exact controllability of the 1D heat equation: duality and Carleman weights. *J. Optim. Theory Appl.* 163 (2014), no. 1, 253-285.

304. Cabrales, Roberto C.; Camacho, Gema; Fernández-Cara, Enrique. Analysis and optimal control of some solidification processes. *Discrete Contin. Dyn. Syst.* 34 (2014), no. 10, 3985-4017.
305. Fernández-García, Soledad; Vidal, Alexandre. 2019. Symmetric coupling of multiple timescale systems with Mixed-Mode Oscillations and synchronization. *Physica D: Nonlinear Phenomena*. In press. doi.
306. Carmona-Centeno, Victoriano; Fernández-García, Soledad; Teruel- Aguilar, Antonio E. 2019. Saddle-node of limit cycles in planar piecewise linear systems and applications. *Discrete and Continuous Dynamical Systems (A)*. 39, pp. 5275-5299. ISSN 1078-0947.
307. T. Chacón Rebollo; S. Fernández-García. 2018. On the computation of the stabilized coefficients for the 1D spectral VMS method *SeMA Journal*. Springer International Publishing. pp.1-18. ISSN 2254-3902.
308. S. Fernández-García et al. 2016. Canard solutions in planar piecewise linear systems with three zones. *Dynamical Systems: An International Journal*. Taylor & Francis. 31-2, pp.173-197. ISSN 1468-9367.
309. SDesroches, Mathieu; Fernández-García, Soledad; Krupa, Martin. 2016. Canards in a minimal piecewise-linear square-wave burster. *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science*. American Institute of Physics. 26, pp.073111. ISSN 1054- 1500.
310. Fernández-García, Soledad; Krupa, Martin; Clément, Frédérique. 2016. Mixed-Mode Oscillations in a piecewise linear system with multiple time scale coupling. *Physica D: Nonlinear Phenomena*. Elsevier. 332, pp.9-22.
311. S. Fernández-García et al. 2015. A Multiple Time Scale Coupling of Piecewise Linear Oscillators. Application to a Neuroendocrine System *SIAM Journal on Applied Dynamical Systems*. SIAM. 14-2, pp.643-673. ISSN 1536-0040.
312. Carmona-Centeno, Victoriano; Freire-Macias, Emilio; Fernández- García, Soledad. 2015. Periodic orbits and invariant cones in three-dimensional piecewise linear systems *Discrete and Continuous Dynamical Systems (A)*. 35, pp.59-72. ISSN 1078- 0947.
313. McGreevy KR, Tezanos P, Ferreiro-Villar I, Pallé A, Moreno-Serrano M, Esteve-Codina A, Lamas-Toranzo I, Bermejo-Álvarez P, Fernández-Punzano J, Martín-Montalvo A, Montalbán R, Ferrón SR, Radford EJ, Fontán-Lozano Á\*, Trejo JL\* (\*equal contribution). 2019. Intergenerational transmission of the positive effects of physical exercise on brain and cognition. *Proc Natl Acad Sci USA*;116(20):10103-10112.
314. Díaz-Moreno M, Armenteros T, Gradari S, Hortigüela R, Garcia-Corzo L, Fontán-Lozano A, Trejo JL, Mira H. 2018. Noggin rescues age-related stem cell loss in the brain of senescent mice with neurodegenerative pathology. *Proc Natl Acad Sci U S A*.;115(45):11625-11630.
315. López-Sánchez N, Fontán-Lozano A, Pallé A, González-Álvarez V, Rábano A, Trejo JL, Frade JM. 2017 Neuronal tetraploidization in the cerebral cortex correlates with reduced cognition in mice and precedes and recapitulates Alzheimer's-associated neuropathology. *Neurobiol Aging*. 56:50-66. IF: 5,193/Q1
316. Fontán-Lozano A, Capilla-Gonzalez V, Aguilera Y, Mellado N, Carrión AM, Soria B, Hmadcha A. 2016. Impact of transient down-regulation of DREAM in human embryonic stem cell pluripotency: The role of DREAM in the maintenance of hESCs. *Stem Cell Res*.16(3):568-78.
317. Miguel A. Fortuna; Matthew A. Barbour; Luis Zaman; Alex Hall; Angus Buckling; Jordi Bascompte. Coevolutionary dynamics shape the structure of bacteria-phage infection networks. *Evolution*. in press, 2019. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
318. Carlos J. Melián; Blake Matthews; Cecilia S. de Andreazzi; Jorge P. Rodríguez; Luke J. Harmon; Miguel A. Fortuna. Deciphering the interdependence between ecological and evolutionary networks. *Trends in Ecology and Evolution*. 33, pp. 504 - 512. 2018.
319. Xifu Yang; Xuan Yan; Qingjian Zhao; Marcel Holyoak; Miguel A. Fortuna; Jordi Bascompte; Patrick A. Jansen; Zhibin Zhang. Ecological succession drives the structural change of seed-rodent interaction networks in fragmented forests. *Forest Ecology and Management*. 419-420, pp. 42 - 50. 2018. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
320. Rodrigo Cámara-Leret; Miguel A. Fortuna; Jordi Bascompte. Indigenous knowledge networks in the face of global change. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*. submitted, 2018. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
321. Gianalberto Losapio; Miguel A. Fortuna; Jordi Bascompte; Bernhard Schmid; Richard Michalet; Rainer Neumeyer; Leopoldo Castro; Pierfilippo Cerretti; Christoph Germann; Jean-Paul Haenni; Seraina Klopstein; Javier Ortiz; Adrian C. Pont; Pascal Rousse; Jürg Schmid; Daniele Sommaggio; Christian Schöb. Plant interactions shape pollination networks via nonadditive effects. *Ecology*. in press, 2018.

322. Pablo Deschepper; Rein Brys; Miguel A. Fortuna; Hans Jacquemyn. Analysis of spatial genetic variation reveals genetic divergence among populations of *Primula veris* associated to contrasting habitats. *Scientific Reports*. 7, pp. 8847. 2017.
323. Miguel A. Fortuna; Luis Zaman; Andreas Wagner; Jordi Bascompte. Non-adaptive origins of evolutionary innovations increase network complexity in interacting digital organisms. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*. 372, pp. 20160431. 2017.
324. Miguel A. Fortuna; Luis Zaman; Charles Ofria; Andreas Wagner. The genotype-phenotype map of an evolving digital organism. *PLoS Computational Biology*. 13, pp. e1005414. 2017.
325. Matthew A. Barbour; Miguel A. Fortuna; Jordi Bascompte; Joshua R. Nicholson; Riitta Julkunen-Tiitto; Erik S. Jules; Gregory M. Crutsinger. Genetic specificity of a plant-insect food web: implications for linking genetic variation to network complexity. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*. 106, pp. 2128 - 2133. 2016.
326. Jessica E. Lavabre; Luis J. Gilarranz; Miguel A. Fortuna; Jordi Bascompte. How does the functional diversity of frugivorous birds shape the spatial pattern of seed dispersal?. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*. 371, pp. 20150280. 2016. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
327. Serguei Saavedra; Rudolf P. Rohr; Miguel A. Fortuna; Nuria Selva; Jordi Bascompte. Seasonal changes of species interactions minimize the impact of species turnover on the likelihood of community persistence. *Ecology*. 97, pp. 865 - 873. 2016.
328. Carlos J. Melián; Ole Seehausen; Víctor Eguíluz; Miguel A. Fortuna; Kristy Deiner. Diversification and biodiversity dynamics of hot and cold spots. *Ecography*. 38, pp. 393 - 401. 2015. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
329. Amanda D. Rodewald; Rudolf P. Rohr; Miguel A. Fortuna; Jordi Bascompte. Does removal of invasives restore ecological networks?: an experimental approach. *Biological Invasions*. 17, pp. 2139 - 2146. 2015.
330. Amanda D. Rodewald; Rudolf P. Rohr; Miguel A. Fortuna; Jordi Bascompte. Community-level demographic consequences of urbanization: an ecological network approach. *Journal of Animal Ecology*. 83, pp. 1409 - 1417. 2014.
331. Shai Pilosof; Miguel A. Fortuna; Jean-François Cosson; Maxime Galan; Chaisiri Kittipong; Alexis Ribas; Eran Segal; Boris R. Krasnov; Serge Morand; Jordi Bascompte. Host-parasite network structure is associated with community-level immunogenetic diversity. *Nature Communications*. 5, pp. 5172. 2014. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
332. Miguel A. Fortuna; Raúl Ortega; Jordi Bascompte. The Web of Life. *ArXiv*. arXiv:1403.2575, 2014. Type of production: Scientific paper. Format: Journal.
333. Título: A Petrov–Galerkin multilayer discretization to second order elliptic boundary value problems. Autores: Chacón Rebollo, Tomás; Franco Coronil, Daniel; Hecht, Frédéric. Revista: *Computers and Mathematics with Applications*. Año: 2019. Volumen: 77. Páginas: 3068 – 3086.
334. David Gálvez Ruiz, José Luis Pino Mejías. Dealing with imprecision in performance evaluation processes using indicators: a fuzzy distance-based approach. *Social Indicators Research*. Volumen: 129(1). 2016
335. Brace O, Garrido-Cumbrera M, Galvez Ruiz D, López Lara, E. Assessing the Influence of Urban Sprawl on Commuting Mode Choice. *Boletín de la Asociación de Geógrafos Españoles*. Volumen: 2017
336. Garrido-Cumbrera M, Galvez Ruiz D, Brace O, López Lara, E. Exploring the association between Urban Sprawl and Mental Health. *Journal of transport and health*. Volumen: 10, pag 381-2018
337. David Gálvez Ruiz, Pilar Díaz Cuevas, Marco Garrido Cumbrera, Olga Braçe. Developing an Index to Measure Sub-municipal Level Urban Sprawl. *Social Indicators Research*. Volumen: 140 (3) pag (929-952). 2018
338. M. Garrido-Cumbrera, C.J. Delgado-Domínguez, D. Gálvez-Ruiz, C. Blanch Mur and V. Navarro-Compán. The impact of Axial Spondyloarthritis on Mental Health: Results from the Atlas. *The Journal of Rheumatology*. Volumen: on line first. 2019
339. Marco Garrido-Cumbrera, Denis Poddubnyy, Laure Gossec, David Gálvez-Ruiz, Christine Bundy, Raj Mahapatra, Souzi Makri, Laura Christen, Carlos J. Delgado-Domínguez, Sergio Sanz-Gómez, Pedro Plazuelo-Ramos, Victoria Navarro-Compán. The European Map of Axial Spondyloarthritis: capturing the patient perspective. An analysis of 2846 patients across 13 countries. *Current Rheumatology Reports*. Volumen: on line first. 2019
340. Marco Garrido-Cumbrera Email author Denis Poddubny y Laure Gossec David Gálvez-Ruiz Christine Bundy Raj Mahapatra Souzi Makri Laura Christen Carlos J. Delgado-Domínguez Sergio Sanz-

- GómezPedro Plazuelo-RamosVictoria Navarro-Compán. Atlas of Axial Spondyloarthritis in Spain 2017: Study Design and Population. *Reumatología Clínica*.
341. Y. Chen, H. Gao, M.J. Garrido-Atienza & B. Schmalfuss, Pathwise solutions of SPDEs driven by Hölder-continuous integrators with exponent larger than  $1/2$  and random dynamical systems, *Discrete and Continuous Dynamical Systems, Series A*, 34 (1), 79- 98 (2014).
342. H. Bessaih, M.J. Garrido-Atienza & B. Schmalfuss, Attractor for SPDEs with time smooth diffusion and delays, *Discrete and Continuous Dynamical Systems*, 34 (10), 3945-3968 (2014).
343. M. A. Diop & M.J. Garrido-Atienza, Retarded evolution Systems driven by fractional Brownian motion with Hurst parameter  $H > 1/2$ , *Nonlinear Analysis* 97, 15-29 (2014).
344. H. Gao, M.J. Garrido-Atienza & B. Schmalfuss, Random attractors for infinite- dimensional stochastic evolution equations driven by fractional Brownian motion, *SIAM Journal on Mathematical Analysis*, 46 (4), 2281-2309 (2014).
345. M.J. Garrido-Atienza & J. Huang, Retarded neutral stochastic equations driven by nontrivial fractional noise, *Stochastic Analysis and Applications*, 32 (5), 820-839 (2014).
346. M.J. Garrido-Atienza, K. Lu & B. Schmalfuss, Local pathwise solutions to stochastic evolution equations driven by fractional Brownian motions with Hurst parameters  $H \in (1/3, 1/2]$ , *Discrete and Continuous Dynamical Systems, series B*, 20(8), 2553-2581 (2015).
347. M.J. Garrido-Atienza, K. Lu & B. Schmalfuss, Random dynamical systems for stochastic evolution equations driven by fractional Brownian motion with Hurst parameters  $H \in (1/3, 1/2]$ , *SIAM Journal on Applied Dynamical Systems*, 15(1), 625-654 (2016).
348. H. Bessaih, M.J. Garrido-Atienza & B. Schmalfuss, Stochastic Shell Models driven by a multiplicative fractional Brownian--motion, *Physica D Nonlinear Phenomena*, 320, 38-56 (2016).
349. M.J. Garrido-Atienza, Bohdan Maslowski & Jana Snupárková, Existence and large time behavior of solutions to semilinear stochastic equations with fractional Brownian motions, *Discrete and Continuous Dynamical Systems, series B*, 21(9), 3075-3094 (2016).
350. T. Caraballo, M.J. Garrido-Atienza, B. Schmalfuss & J. Valero, Attractors for a random evolution equation with infinite memory: Theoretical results, *Discrete and Continuous Dynamical Systems, series B*, 22(5), 1779-1800, (2017).
351. M.J. Garrido-Atienza, A. Neuenkirch & B. Schmalfuss, Asymptotical stability of differential equations driven by Hölder-continuous functions, *Journal of Dynamics and Differential Equations*, 30(1), 359-377, (2018).
352. H. Bessaih, M.J. Garrido-Atienza, X. Han & B. Schmalfuss, Stochastic lattice dynamical systems with fractional noise, *SIAM Journal on Mathematical Analysis*, 49(2), 1495-1518, (2017).
353. T. Caraballo, M.J. Garrido-Atienza & J. López-de-la-Cruz, Dynamics of some stochastic chemostat models with multiplicative noise, *Communications on Pure and Applied Analysis*, 16(5), 1839-1914, (2017).
354. L.H. Duc, M.J. Garrido-Atienza & B. Schmalfuss, Dynamics of SPDEs driven by a small fractional Brownian motion with Hurst parameter larger than  $1/2$ , to appear in the *Festschrift volumen Stochastic Partial Differential Equations and Related Fields - In Honor of Michael Röckner - Bielefeld, Germany, October 2016*, Springer.
355. L.H. Duc, M.J. Garrido-Atienza, A. Neuenkirch & B. Schmalfuss, Global stability of stochastic evolution equations driven by small fractional Brownian motion with Hurst parameter in  $(1/2, 1)$ , *Journal of Differential Equations*, 264(2), 1119-1145, (2018).
356. H. Bessaih, M.J. Garrido-Atienza & B. Schmalfuss, On 3D Navier-Stokes equations: regularization and uniqueness by delays, *Physica D: Nonlinear Phenomena*, Vol. 376-377, 228-237 (2018).
357. M.J. Garrido-Atienza & B. Schmalfuss, Local stability of differential equations driven by Hölder-continuous paths with Hölder index in  $(1/3, 1/2)$ , *SIAM Journal on Applied Dynamical Systems*, Vol. 17, Núm. 3, 2352-2380 (2018).
358. T. Caraballo, M.J. Garrido-Atienza, J. López-de-la-Cruz & A. Rapaport, Modeling and analysis of random and stochastic input flows in the chemostat model, *Discrete and Continuous Dynamical Systems, series B*, Vol. 24(8), 3591-3614 (2019).
359. Wu C.S., Yang W.K., Lee T.H., Gomez-Mestre I., Kam Y.C. Salinity acclimation enhances salinity tolerance in tadpoles living in brackish water through increased  $\text{Na}^+$ ,  $\text{K}^+$ -ATPase expression. *Journal of Experimental Zoology: Ecological Genetics & Physiology* 321A: 57-64.
360. Diaz-Paniagua C., Keller C., Florencio M., Andreu A.C., Portheault A., Gomez-Rodriguez C., Gomez-Mestre I. TÍTULO: Rainfall stochasticity controls the distribution of invasive crayfish and its impact on amphibian guilds in Mediterranean temporary waters. *Hydrobiologia* 728: 89-101. 2014
361. Arribas R., Diaz-Paniagua C., Gomez-Mestre I. Ecological consequences of amphibian larvae and

- their native and alien predators on the community structure of temporary ponds. *Freshwater Biology* 59: 1996-2008. 2014.
362. Zeng C., I. Gomez-Mestre and J.J. Wiens. Evolution of rapid development in spadefoot toads is unrelated to arid environments. *PLoS One* 9: e96637. 2014.
363. Burraco P., R. Arribas, S. Kulkarni, D. Buchholz, I. Gomez-Mestre. Comparing techniques for measuring corticosterone in tadpoles. *Current Zoology* 61: 835-845. 2015
364. R. Arribas, C. Diaz-Paniagua, S. Caut, I. Gomez-Mestre. Stable isotopes reveal trophic partitioning and trophic plasticity of a larval amphibian guild. *PLoS One* 10: e0130897.: 2015
365. G. Sánchez-Montes, E. Recuero, J. Gutiérrez-Rodríguez, I. Gomez-Mestre and I. Martínez-Solano. Species assignment in the *Pelophylax ridibundus* x *P. perezi* hybridogenetic complex based on 16 newly characterized microsatellite markers. *Herpetological Journal* 26: 99-108. 2016
366. N. Polo-Cavia, P. Burraco and I. Gomez-Mestre. Low levels of chemical anthropogenic pollution may threaten amphibians by impairing predator recognition. *Aquatic Toxicology* 172: 30-35.
367. F. Johansson, A. Richter-Boix and I. Gomez-Mestre. Morphological consequences of developmental plasticity in *Rana temporaria* are not accommodated into among-population or among-species variation. *Evolutionary Biology* 43: 242-256. 2016.
368. Burraco P. and I. Gomez-Mestre. Physiological stress responses in amphibian larvae to multiple stressors reveal marked anthropogenic effects even below lethal levels. *Physiological and Biochemical Zoology* 89: 462-472. 2017.
369. N. Polo-Cavia and I. Gomez-Mestre. Pigmentation plasticity enhances crypsis in larval newts: associated metabolic cost and background choice behavior. *Scientific Reports* 7: 39739. 2017.
370. E. Cabrera-Guzman, C. Diaz-Paniagua and I. Gomez-Mestre. *Competitive and predatory interactions between invasive mosquitofish and native newts*. *Biological Invasions* 19: 1449-1460. FECHA PUBLICACIÓN: 2017.
371. Burraco P., F. Miranda, A. Bertó, L.A. Vazquez and I. Gomez-Mestre. Validated flow cytometry allows rapid quantitative assessment of immune responses in amphibians. *Amphibia-Reptilia* 38: 232-237. 2017.
372. Edelaar P., R. Jovani, and I. Gomez-Mestre. Should I change or should I go? Phenotypic plasticity and matching habitat choice in the adaptation to environmental heterogeneity. REF. REVISTA/LIBRO: *American Naturalist* 190: 506-520.: 2017.
373. Burraco P., A.E. Valdés, F. Johansson, and I. Gomez-Mestre. Physiological mechanisms of adaptive developmental plasticity in *Rana temporaria* island populations. *BMC Evolutionary Biology* 17: 164. 2017
374. Burraco P., C. Díaz-Paniagua, and I. Gomez-Mestre. Different effects of accelerated development and enhanced growth on oxidative stress and telomere shortening in amphibian larvae. *Scientific Reports* 7: 7494. 2017.
375. Kulkarni S., R. Denver, I. Gomez-Mestre & D.R. Buchholz. Genetic accommodation via modified endocrine signalling explains phenotypic divergence among spadefoot toad species. *Nature Communications* 8: 993. 2017
376. Arribas R, JC Touchon, I Gomez-Mestre. Predation and competition differentially affect the interactions and trophic niches of a Neotropical amphibian guild. *Frontiers in Ecology and Evolution* 6: 28. 201
377. Liedtke HC, D Gower, M Wilkinson & I Gomez-Mestre. Macroevolutionary shift in the size of amphibian genomes and the role of life history and climate. *Nature Ecology and Evolution* 2: 1792-1799. 2018
378. E. Cabrera-Guzman, C. Diaz-Paniagua and I. Gomez-Mestre. Invasive mosquitofish (*Gambusia holbrooki*) affect egg-laying and behaviour of Spanish Pygmy newts (*Triturus pygmaeus*). *Amphibia-Reptilia* 40:103-112. 2019.
379. Liedtke HC, J. Gómez-Garrido, A. Esteve-Codina, M. Gut, T. Alioto and I. Gomez-Mestre. De novo assembly and annotation of the larval transcriptome of two spadefoot toads widely divergent in developmental rate. *bioRxiv* – doi: <https://doi.org/10.1101/421446>. 2018..
380. Pinero-Rodríguez M.J., R. Fernández-Zamudio, I. Gomez-Mestre and C. Diaz-Paniagua. *Ranunculus peltatus* develops an emergent morphotype in response to shading by the invasive *Azolla filiculoides*. *Aquatic Botany* 152: 32-35. 2018.
381. Burraco P., M. Iglesias-Carrasco, C. Cabido and I. Gomez-Mestre. TÍTULO: Eucalypt leaf litter impairs growth and development of amphibian larvae, inhibits their antipredator responses and alters their physiology. *Conservation Physiology* 6: coy066. 2018.
382. Conde et al. (Gomez-Mestre en posición 19 de 33). TÍTULO: The Demographic Species Index of

- knowledge: Revealing data gaps and opportunities to advance conservation and comparative biology. *PNAS*. 2019 –116: 9658-9664.
383. Liedtke HC, Gómez-Garrido J, Esteve-Codina A, Gut M, Alioto T, and Gomez-Mestre I. *De novo* assembly and annotation of the larval transcriptome of two spadefoot toads widely divergent in developmental rate. *G3 - Genes, Genomes, Genetics*. 2019.
384. Reverón-Gómez N, González-Aguilera C, Stewart-Morgan KR, Petryk N, Flury V, Graziano S, Johansen JV, Jacobsen JS, Alabert C and Groth A. (2018) Accurate recycling of parental histones reproduces the histone modification landscape during DNA replication. *Mol. Cell*. 72(2):239-249.e5 doi: 10.1016/j.molcel.2018.08.010.
385. Feng Y, Vlassis A, Roques C, Lalonde ME, González-Aguilera C, Lambert JP, Zhao X, Alabert C, Johansen J, Paquet ER, Yang X, Gingras AC, Côté J, Groth A. (2016). BRPF3-HBO1 regulates replication origin activation and histone H3K14 acetylation. *EMBO J*. 35(2):176-92. Citas: 23 IF: 9.79 Q1.
386. Huang H, Strømme CB, Saredi G, Hödl M, Strandsby A, González-Aguilera C, Chen S, Groth A, Patel DJ (2015) A unique binding mode enables MCM2 to chaperone histones H3-H4 at replication forks. *Nat Struct Mol Biol*. 22(8):618-26.
387. Santos-Pereira JM; Garcia-Rubio ML; González-Aguilera C; Luna R; Aguilera A. (2014) A genome-wide function of THSC/TREX-2 at active genes prevents transcription-replication collisions. *Nucleic Acids Res*. 42 - 19, pp. 12000 - 12014..
388. Tena JJ, González-Aguilera C, Fernández-Miñán A, Wittbrodt J, Gómez-Skarmeta JL, Martínez-Morales JR. (2014) Comparative epigenomics in distantly related teleost species identifies conserved cis-regulatory nodes active during the vertebrate phylotypic period. *Genome Res*. DOI: 10.1101/gr.163915.113
389. González-Aguilera C., Ikegami K., Ayuso C., de Luis A., Íñiguez M., Cabello J., Lieb JD. and Askjaer P. (2014) Genome-wide analysis links emerlin to neuromuscular junction activity in *C. elegans*. *Genome Biol*. Feb 3;15(2):R21.
390. F. Ammar-Khodja, A. Benabdallah, M. González-Burgos, M. Morancey, Quantitative Fattorini-Hautus test and minimal null control time for parabolic problems, *J. Math. Pures Appl*. 122 (2019), 198-234..
391. F. Ammar-Khodja, A. Benabdallah, M. González-Burgos, L. de Teresa, New phenomena for the null controllability of parabolic systems: Minimal time and geometrical dependence, *J. Math. Anal. Appl*. 444 (2016), no. 2, 1071–1113..
392. E. Fernández-Cara, M. González-Burgos, L. de Teresa, Controllability of linear and semilinear non-diagonalizable parabolic systems, *ESAIM Control Optim. Calc. Var*. 21 (2015), no. 4, 11
393. F. Ammar-Khodja, A. Benabdallah, M. González-Burgos, L. de Teresa, Minimal time of controllability of two parabolic equations with disjoint control and coupling domains, *C. R. Math. Acad. Sci. Paris, Ser. I* 352 (2014), no. 5, 391–396. Impact Factor: 0.469; 210/312 MATH.; Q3.
394. F. Ammar-Khodja, A. Benabdallah, M. González-Burgos, L. de Teresa (2014), Minimal time for the null controllability of parabolic systems: the effect of the condensation index of complex sequences, *J. Funct. Anal*. 267 (2014), no. 7, 2077–2151.
395. Benabdallah, F. Boyer, M. González-Burgos, G. Olive (2014), Sharp estimates of the one-dimensional boundary control cost for parabolic systems and application to the  $n$ -dimensional boundary null controllability in cylindrical domains, *SIAM J. Control Optim*. 52 (2014), no. 5, 2970–3001. Impact Factor: 1.463; 42/257.
396. Ruiz-Arenas C, Caceres A, Lopez-Sanchez M, Tolosana I, Perez-Jurado L, Gonzalez JR. scoreInvHap: Inversion genotyping for genome-wide association studies. *Plos Genetics*. 2019;15(7):e1008203.
397. Hernandez-Ferrer C, Wellenius GA, Tamayo I, Basagana X, Sunyer J, Vrijheid M, Gonzalez JR. Comprehensive study of the exposome and omic data using rexpome Bioconductor packages. *Bioinformatics*. 2019;pii: btz526. doi: 10.1093/bioinformatics/btz526.
398. Hernandez-Ferrer C, Gonzalez JR. CTDquerier: A Bioconductor R package for Comparative Toxicogenomics DatabaseTM data extraction, visualization and enrichment of environmental and toxicological studies. *Bioinformatics*. 2018; 4(18):3235-3237
399. Bonàs-Guarch S, Guindo-Martínez M, Miguel-Escalada I, ..., González JR, ... Ferrer J, Mercader JM, Torrents D. Re-analysis of public genetic data reveals a rare X-chromosomal variant associated with type 2 diabetes. *Nat Commun*. 2018; 22;9(1):321.
400. Vilor-Tejedor N, Alemany S, Cáceres A, Bustamante M, Mortamais M, Pujol J, Sunyer J, González JR. Sparse multiple factor analysis to integrate genetic data, neuroimaging features, and attention-

- deficit/hyperactivity disorder domains. *Int J Methods Psychiatr Res.* 2018; 27(3):e1738.
401. Hernandez-Ferrer C, Ruiz-Arenas C, Beltran-Gomila A, Gonzalez JR. MultiDataSet: an R package for encapsulating multiple data sets with application to omic data integration. *BMC Bioinformatics.* 2017;18(1):36.
402. Okbay A, Baselmans BM, De Neve JE, ... , Geisel MH, Gonzalez JR, Haitjema S, ..., Benjamin DJ, Bartels M, Cesarini D. Genetic variants associated with subjective well-being, depressive symptoms, and neuroticism identified through genome-wide analyses. *Nat Genet.* 2016;48(6):624-33.
403. Cáceres A, Vargas JE, Gonzalez JR. APOE and MS4A6A interact with GnRH signaling in Alzheimer's disease: Enrichment of epistatic effects. *Alzhei & Dement.* 2017;13(4):493-49.
404. Alejandro Cáceres, Juan R González. Following the footprints of polymorphic inversions on SNP data: from detection to association tests. *Nucleic Acids Research* 2015, 43(8):e53.
405. González JR, Cáceres A, Esko T, ..., Metspalu A, Cáceres M, Pérez-Jurado LA. A Common 16p11.2 Inversion Underlies the Joint Susceptibility to Asthma and Obesity. *Am J Hum Genet* 2014, 94: 361–372.
406. Ruud Stoof; Alexander Wood; Angel Goni-Moreno. A model for the spatiotemporal design of gene regulatory networks. *ACS Synthetic Biology.* American Chemical Society, 20/08/2019. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Position of signature: 3. Total no. authors: 3.
407. Angel Goñi-Moreno; Fernando de la Cruz; Martyn Amos. Multicellular computing using conjugation for wiring. *PLoS ONE.* 8 - 6, Public Library of Science (PLoS), 06/2013. Available on-line at: <<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0065986>>. ISSN 1932-6203.
408. Jacob Beal; Tramy Nguyen; Thomas Goroehowski; Angel Goñi-Moreno; et al. Communicating Structure and Function in Synthetic Biology Diagrams. *ACS Synthetic Biology.* American Chemical Society, 01/08/2019.
409. Jennifer Hallinan; Anil Wipat; Richard Kitney; Simon Woods; Ken Taylor; Angel Goni-Moreno. Future-proofing synthetic biology: educating the next generation. *IET Engineering Biology.* 3 - 2, IET, 04/07/2019. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Corresponding author: Yes. Curtis Madsen; Angel Goni-Moreno; et al. *Synthetic Biology Open Language (SBOL) Version 2.3.* *Journal of Integrative Bioinformatics.*
410. Goksel Misirli; Renee Taylor; Angel Goni-Moreno; James McLaughlin; Chris Myers; John Gennari; Phil Lord; Anil Wipat. SBOL-OWL: An Ontological Approach for Formal and Semantic Representation of Synthetic Biology Information. *ACS Synthetic Biology.* American Chemical Society, 06/05/2019.
411. Richard Kitney; Michael Adeogun; Youhiyuki Fuyishima; Angel Goni-Moreno; David Winickoff; Richard Johnson; Mary Maxon; Scott Steedman; Sean Ward; Jim Philp. Enabling the Advanced Bioeconomy through Public Policy Supporting Biofoundries and Engineering Biology. *Trends in Biotechnology.* Elsevier, 26/04/2019.
412. Angel Goñi-Moreno; Pablo Nickel. High-Performance Biocomputing – Integrated Transcriptional and Metabolic circuits. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology.* Frontiers, 11/03/2019. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Corresponding author: Yes.
413. Juhyun Kim; Angel Goñi-Moreno; Belen Calles; Victor de Lorenzo. Spatial organization of the gene expression hardware in *Pseudomonas putida*. *Environmental Microbiology.* Wiley, 28/01/2019. Type of production: Scientific paper. Format: Journal. Degree of contribution: Author or co-author of article in journal with external admissions assessment committee. Impact source: ISI. Category: Science Edition – MICROBIOLOGY.
414. Angel Goñi-Moreno; Fernando de la Cruz; Alfonso Rodriguez-Paton; Martyn Amos. Dynamical Task Switching in Cellular Computers. *Life.* MDPI, 26/01/2019.
415. James McLaughlin; Chris Myers; Zach Zundel; Goksel Misirli; Michael Zhang; Irina Dana Ofiteru; Angel Goñi-Moreno; Anil Wipat. SynBioHub: A Standards-Enabled Design Repository for Synthetic Biology. *ACS Synthetic Biology.* 7 - 2, pp. 682 - 688. American Chemical Society, 09/01/2018
416. Juan C Garcia-Betancourt; Angel Goñi-Moreno; Thomas Horger; Melanie Schott; Malvika Sharan; Julian Eikmeier; Barbara Wohlmuth; Alma Zerneck; Knut Ohlsen; Christina Kuttler; Daniel Lopez. Cell differentiation defines acute and chronic infection cell types in *Staphylococcus aureus*. *eLife.* 6, pp. e28023. eLife Sciences Publications Limited, 12/09/2017.
417. Angel Goñi-Moreno; Anil Wipat; Natalio Krasnogor. CSBB: synthetic biology research at Newcastle University. *Biochemical Society Transactions.* 45 - 3, pp. 781 - 783. Portland Press, 15/06/2017.
418. Angel Goñi-Moreno; Ilaria Benedetti; Juhyun Kim; Victor de Lorenzo. Deconvolution of Gene Expression Noise into Spatial Dynamics of Transcription Factor–Promoter Interplay. *ACS Synthetic Biology.* 6 - 7, pp. 1359 - 1369. American Chemical Society, 29/03/2017.

419. Max Chavarria; Angel Goñi-Moreno; Victor de Lorenzo; Pablo Nickel. A Metabolic Widget Adjusts the Phosphoenolpyruvate-Dependent Fructose Influx in *Pseudomonas putida*. *mSystems*. 1 - 6, pp. e00154 - 16. American Society for Microbiology, 11/2016.
420. David Espeso; Esteban Martinez-Garcia; Victor de Lorenzo; Angel Goñi-Moreno. Physical Forces Shape Group Identity of Swimming *Pseudomonas putida* Cells. *Frontiers in Microbiology*. 7, pp. 1437. Frontiers, 16/09/2016.
421. Angel Goñi-Moreno; Juhyun Kim; Victor de Lorenzo. CellShape: A user? friendly image analysis tool for quantitative visualization of bacterial cell factories inside. *Biotechnology Journal*. 13 - 2, pp. 1600323. Wiley Online Library, 05/08/2016.
422. Angel Goñi-Moreno; Marta Carcajona; Juhyun Kim; Esteban Martinez-Garcia; Martyn Amos; Victor de Lorenzo. An implementation-focused bio/algorithmic workflow for synthetic biology. *ACS Synthetic Biology*. 5 - 10, pp. 1127 - 1135. American Chemical Society, 25/07/2016.
423. Martyn Amos; Angel Goñi-Moreno. DiSCUS: a simulation platform for conjugation computing. *Lecture Notes in Computer Science*. 9252, pp. 181 - 191. Springer, 04/08/2015. Available on-line at: [https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-21819-9\\_13](https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-21819-9_13). ISSN 0302-9743.
424. Pablo I. Nickel; Francisco J Romero-Campero; Joshua A Zeidman; Angel Goñi-Moreno; Victor de Lorenzo. The Glycerol-Dependent Metabolic Persistence of *Pseudomonas putida* KT2440 Reflects the Regulatory Logic of the GlpR Repressor. *mBio*. 6 - 2, American Society for Microbiology, 31/03/2015.
425. Esteban Martínez-García; Tomás Aparicio; Ángel Goñi-Moreno; Sofía Fraile; Víctor de Lorenzo. SEVA 2.0: an update of the Standard European Vector Architecture for de-/re- onstruction of bacterial functionalities. *Nucleic Acids Research*. Oxford Journals, 11/2014.0
426. Angel Goni-Moreno. On genetic logic circuits: forcing digital electronic standards?. *Memetic Computing*. 6 - 3, pp. 149 - 155. Springer Berlin Heidelberg, 06/2014. Available on-line at: <http://link.springer.com/article/10.1007/s12293-014-0136-8>. ISSN 1865-9292
427. Guillén-González, F.; Gutiérrez-Santacreu J.V. 2019. From a cell model with active motion to a Hele-Shaw-like system: a numerical approach. *Numerische Mathematik* (2019) 143:107-137. Q1.
428. Guillén-González, F.; Rodríguez-Bellido, M.A., Rueda-Gómez D.A. 2019. Unconditionally energy stable fully discrete schemes for a chemo-repulsion model. *Math. Comput.* 88, 319: 2069-2099. Q1.
429. Guillén-González, F.; Tierra, G. 2018. Unconditionally energy stable numerical schemes for phase-field vesicle membrane model. *J. Comput. Phys.* 354, 67-85. Q1. Impact Factor: 2.746 (2016). Ranking: 3/55 (Physics, Mathematical). Q1.
430. F.Guillén-González, M.V.Redondo-Neble. 2017. Optimal first-order error estimates of a fully segregated scheme for the Navier-Stokes equations. *J. Comp. Appl. Math.* 321, 348-370.
431. Guillén-González, F., Rodríguez-Bellido, M.A., Tierra-Chica, G., 2016. Linear unconditional energy-stable splitting schemes for a phase-field model for Nematic-Isotropic flows with anchoring effects. *Int. J. Numer. Meth. Engng.* Vol. 108. Núm. 6. Pag. 535-567.
432. G.Grun, F.Guillén-González, S.Metzger. 2016. On fully decoupled, convergent schemes for diffuse interface models for two-phase flow with general mass densities. *Communications in Computational Physics*. 19, no. 5, 473-1502. Impact factor: 2.004 (2016).
433. F.Guillén-González, J.Koko. 2015. A Splitting in Time Scheme and Augmented Lagrangian Method for a Nematic Liquid Crystal Problem. *J. Sci. Comput.*, Vol. 65, No. 3, 1129-1144.
434. F.Guillén-González, G.Tierra. 2015. Approximation of Smectic-A liquid crystals. *Comp. Methods App. Mech. Engineer*, 290, 342-361.
435. F.Guillén-González, J.R.Rodríguez-Galván. 2015. Analysis of the Hydrostatic Stokes problem and finite-element approximation in non-structured meshes. *Num.Math.* 130 (2) 225-256.
436. R.C.Cabrales, F.Guillén-González and J.V.Gutiérrez-Santacreu. 2015. A time-splitting Finite-Element approximation for the Ericksen-Leslie equations. *SIAM J. SCI. COMPUT.*, Vol. 37, 2, B261-B282.
437. Díaz-Pernil, D., Christinal, H.A., Gutiérrez Naranjo M.A. "Solving the 3-COL Problem by Using Tissue P Systems without Environment and Proteins on Cells". *Information Sciences* Vol. 430-431, pp.240-246 (2018).
438. Díaz-Pernil, D., Gutiérrez Naranjo M.A. "Semantics of Deductive Databases with Spiking Neural P Systems" *Neurocomputing*, Vol. 272, pp.:365- 373 (2018) DOI 10.1016/j.neucom.2017.07.007
439. Díaz-Pernil, D. ,Berciano, A., Peña-Cantillana, F., Gutiérrez-Naranjo M.A. "Bio-inspired Parallel Computing of Representative Geometrical Objects of Holes of Binary 2D-images" *International Journal of Bio-Inspired Computation (IJBC)* Vol. 9, No. 2, pp.: 77 - 92 (2017)
440. Díaz-Pernil, D., Fondón, I., Peña-Cantillana, F. Gutiérrez-Naranjo M.A. "Fully Automated Parallel

- Segmentation of the Optic Disc in Retinal Fundus Images” Pattern Recognition Letters Vol. 83, Part 1 pp.: 99 -107. (2016)
441. Díaz-Pernil, D., Peña-Cantillana, F., Alhazov, A., Freunf, R., Gutiérrez-Naranjo M.A. “Antimatter as a Frontier of Tractability in Membrane Computing” *Fundamenta Informaticae* 134 pp.: 83 - 96. (2014) DOI 10.3233/FI-2014-1092
442. Huertas MJ, Matilla M. (2019). Training bacteria to produce environmentally friendly polymers of industrial and medical relevance. *Microbial Biotechnology*. Early view
443. Huertas MJ, Michan C. (2019). Paving the way for the production of secretory proteins by yeast cell factories. *Microbial Biotechnology*. 0 (0) 1-2.
444. Huertas M.J., López-Maury L., Giner-Lamia J., Sanchez-Riego A., Florencio F.J. (2014). Metals in Cyanobacteria: Analysis of the Copper, Nickel, Cobalt and Arsenic Homeostasis Mechanisms. *Life*. 4. 865-886.
445. Huertas M.J, Michan-Doña, C., (2014) Gut microbiota: in sickness and in health. *Microbial Biotechnology*. Vol 7. Pag 88-89.
446. F.J. Esteban, J.A. Galadí, J.A. Langa, J.R. Portillo, F. Soler-Toscano (2018), *Informatinal Structures: a dynamical systems approach for integrated information*. Aceptado en *PLOS Comp. Biology*.
447. M.M. Freitas, P. Kalita, J.A. Langa (2018) Continuity of non-autonomous attractors for hyperbolic perturbation of parabolic equations. *Journal of Differential Equations* 264 (3), 1886-1945.
448. H. Cui, J.A. Langa (2017) Uniform attractors for non-autonomous random dynamical systems. *Journal of Differential Equations* 263 (2), 1225-1268.
449. G. Guerrero; J.A. Langa; A. Suárez (2017), Architecture of attractor determines dynamics on mutualistic complex networks. *Nonlinear Anal. Real World Appl.* 34, 17- 40.
450. T. Caraballo; J.A. Langa; R. Obaya (2017), Pullback, forward and chaotic dynamics in 1D non-autonomous linear-dissipative equations. *Nonlinearity*, 30 (1), 274-299.
451. E.R. Aragao-Costa, R.N. Figueroa-Lopez, J.A. Langa, G. Lozada-Cruz (2017), Topological Structural Stability of Partial Differential Equations on Projected Spaces,
452. C.A. Cardoso; J.A. Langa; R. Obaya (2016), Characterization of cocycle attractors for nonautonomous reaction-diffusion equations. *Internat. J. Bifur. Chaos Appl. Sci. Engrg.* 26 (2016), no. 8, 1650135, 20 pp.
453. H. Cui, J.A. Langa, Y. Li (2016), Regularity and structure of pullback attractors for reaction-diffusion type systems without uniqueness, *Nonlinear Anal.* 140, 208-235.
454. N. Carvalho, J.A. Langa. J.C. Robinson (2015), Non-autonomous dynamical systems, *Discrete Cont. Dyn. Systems-B*, 20 (3), 703-747.
455. M.C. Bortolan, A.N. Carvalho, J.A. Langa (2014), Skew product semiflows and Morse decomposition, *J. Differential Equations*, 257, no. 2, 490-522.
456. Fages, A. and 119 others. 2019. “Tracking five millennia of horse management with extensive ancient genome time-series” *Cell*, 177(6), 1419-1435.
457. Quevedo, M, J Echegaray, A Fernández-Gil, JA Leonard, J Naves, A Ordiz, E Revilla, C Vilà. 2019 “Lethal management may hinder population recovery in Iberian wolves.” *Biodiversity and Conservation*, 28: 415-432.
458. Gómez-Sánchez, D, I Olalde, N Sastre, C Enseñat, R Carrasco, T Marques-Bonet, C Lalueza-Fox, J.A. Leonard, C Vilà, and O Ramírez. 2018. “On the path to extinction: Inbreeding and admixture in a declining grey wolf population.” *Molecular Ecology*, 27: 3599-3612.
459. Camacho-Sanchez, M, I Quintanilla, MTR Hawkins, FYY Tuh, K Wells, JE Maldonado and JA Leonard. 2018. “Interglacial refugia on tropical mountains: novel insights from the summit rat (*Rattus baluensis*), a Borneo mountain endemic.” *Diversity and Distributions*, 24: 1252-1266.
460. Hawkins MTR, Camacho-Sanchez M, Tuh Yit Yuh F, Maldonado JE, and Leonard JA. 2018. “Small mammal diversity along two neighboring Bornean mountains” *PeerJ Preprints* 6:e26523v1, accepted, available on-line.
461. Hendricks, SA, Koblmüller, S, Harrigan, RJ, Leonard, JA, Schweizer RM, Vonholdt BM, Kays R, and Wayne RK. 2017. “Defense of an expanded historical range for the Mexican wolf: A comment on Heffelfinger et al.” *The Journal of Wildlife Management*, 81: 1331-1333.
462. Pajmans, JLA, R Barnett, MTP Gilbert, ML Zepeda-Mendoza, JWF Reumer, J de Vos, G Zazula, D Nagel, GF Baryshnikov, JA Leonard, N Rohland, M Westbury, A Barloa, M Hofreiter. 2017. “Evolutionary history of sabre-toothed cats based on ancient mitogenomes.” *Current Biology*, 27: 3330-3336.
463. Camacho-Sanchez, M, JA Leonard, Y Fitriana, M-K Tilak and P-H Fabre. 2017. “The generic status of *Rattus annandalei* (Bonhote, 1903) (Rodentia, Murinae) and its evolutionary implications.” *Journal*

- of *Mammalogy*, 98: 1340–1355.
464. Montero-Mendieta, S, M Grabherr, H Lantz, I de la Riva, JA Leonard, MT Webster and C Vila. 2017. “A practical guide to build de-novo assemblies for single tissues of non- model organisms: the example of a Neotropical frog.” *PeerJ* 5:e3702.
465. Bernáldez-Sánchez, E, E García-Viñas, I Sanchez-Donoso, and JA Leonard. 2017. “Bone loss from carcasses in Mediterranean ecosystems.” *Palaeos*, 32: 288-294.
466. Hindrikson, M, J Remm, M Pilot, R Godinho, AV Stronen, L Baltrunaite, SD Czarnomska, JA Leonard, E Randi, C Nowak, M Akesson, JV Lopez-Bao, F Alvares, L Llanaez, J Echeagaray, C Vila, J Ozolins, D Rungis, J Aspi, L Paule, T Skrbinek, and U Saarma. 2017. “Wolf population genetics in Europe: a systematic review, meta-analysis and suggestions for conservation and management.” *Biological Reviews*, 92: 1601-1629.
467. Linderholm A, D Spencer, V Battista, L Frantz, R Barnett, R Fleischer, HF James, D Duffy, JP Sparks, DR Clements, L Andersson, K Dobney, JA Leonard, G Larson. 2016. “A novel *MC1R* allele for black coat colour reveals the Polynesian ancestry and hybridisation patterns of Hawaiian feral pigs.” *Royal Society Open Science*, 3: 160304.
468. Hawkins, MTR, JA Leonard, KM Helgen, MM McDonough, LL Rockwood, JE Maldonado. 2016. “Evolutionary history of endemic Sulawesi squirrels constructed from UCEs and mitogenomes sequenced from museum specimens.” *BMC Evolutionary Biology*, 16:80.
469. Koblmüller, S, C Vilà, B Lorente-Galdos, M Dabad, O Ramirez, T Marques-Bonet, RK Wayne and JA Leonard. 2016. “Whole mitochondrial genomes illuminate ancient intercontinental dispersals of grey wolves (*Canis lupus*).” *Journal of Biogeography*, 43: 1728-1738.
470. Hawkins, MTR, KM Helgen, JE Maldonado, LL Rockwood, MTN Tsuchiya and JA Leonard. 2016. “Phylogeny, biogeography and systematic revision of plain long-nosed squirrels (genus *Dremomys*, Nannosciurinae).” *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 94: 752- 764.
471. Koepfli, K.-P., Pollinger, J., Godinho, R., Robinson, J., Lea, A., Hendricks, S., Schweizer, R.M., Thalmann, O., Silva, P., Fan, Z., Yurchenko, A.A., Dobrynin, P., Makunin, A., Cahill, J.A., Shapiro, B., Álvares, F., Brito, J.C., Geffen, E., Leonard, J.A., Helgen, K.M., Johnson, W.E., O’Brien, S.J., Van Valkenburgh, B., and Wayne, R.K. 2015. “Genome-wide Evidence Reveals that African and Eurasian Golden Jackals are Distinct Species.” *Current Biology*, 25: 2158-2165.
472. Brandariz-Fontes, C., M Camacho-Sanchez, C Vilà, JL Vega-Pla, C Rico and JA Leonard. 2015. “Effect of the enzyme and PCR conditions on the quality of high-throughput DNA sequencing results.” *Scientific Reports* 5: 8054.
473. Leonard, JA, R-J den Tex, MTR Hawkins, V Muñoz-Fuentes, R Thorington and JE Maldonado. 2015. “Phylogeography of vertebrates on the Sunda Shelf: a multi-species comparison.” *Journal of Biogeography*, 42: 871-879.
474. Leonard, JA. 2014. “Ecology drives evolution in grey wolves” *Evolutionary Ecology Research*, 16: 461-473.
475. Leonard, JA. 2014. “Adapting to global change” *Evolutionary Ecology Research*, 16: 441- 444.
476. Den Tex, R-J and JA Leonard. 2014. “The phylogeography of red and yellow coppersmith barbets (*Aves: Megalaima haemacephala*).” *Frontiers in Ecology and Evolution*, 2: 00016.
477. López-Baena FJ, Vinardell JM, Medina C (2019) Regulation of protein secretion systems mediated by cyclic diguanylate in plant-interacting bacteria. *Frontiers in Microbiology* 10: 1289.
478. Acosta-Jurado S, Rodríguez-Navarro DN, Kawaharada Y, Rodríguez-Carvajal MA, Gil- Serrano A, Soria-Díaz ME, Pérez-Montaño F, Fernández-Perea J, Yanbo N, Alias-Villegas C, Jiménez-Guerrero I, Navarro-Gómez P, López-Baena FJ, Kelly S, Sandal N, Stougaard J, Ruiz-Sainz JE, Vinardell JM (2019) *Sinorhizobium fredii* HH103 *nolR* and *nodD2* mutants gain capacity for infection thread invasion of *Lotus japonicus* Gifu and *Lotus burttii*. *Environmental Microbiology* 21: 1718-1739.
479. del Cerro P, Moyano-Bravo I, Romero-Flores R, Megías M, López-Baena FJ, Pérez- Montaña F, Ollero FJ (2019) Osmotic stress activates *nif* and *fix* genes and induces the *Rhizobium tropici* CIAT 899 Nod factor production via NodD2 by up-regulation of the *nodA2* operon and the *nodA3* gene. *PLOS One* 14: e0213298.
480. del Cerro P, Moyano-Bravo I, Jiménez-Guerrero I, López-Baena FJ, Megías M, Hungría M, Gil-Serrano AM, Pérez-Montaño F, Ollero FJ (2019) The non-flavonoid inducible *nodA3* and the flavonoid regulated *nodA1* genes of *Rhizobium tropici* CIAT 899 guarantee nod factor production and nodulation of different host legumes. *Plant and Soil* 440: 185-200.
481. Jiménez-Guerrero I, Pérez-Montaño F, Zdyb A, Beutler M, Werner G, Göttfert M, Ollero FJ, Vinardell JM, López-Baena FJ (2019) GunA of *Sinorhizobium (Ensifer) fredii* HH103 is a T3SS-secreted cellulase that differentially affects symbiosis with cowpea and soybean. *Plant and Soil* 435:

- 15-26.
482. Temprano-Vera F, Rodríguez-Navarro DN, Acosta-Jurado S, Perret X, Fossou R, Tao Z, Deshui Y, Qi A, Buendía-Clavería AM, Moreno J, López-Baena FJ, Ruiz-Sainz JE, Vinardell JM (2018) *Sinorhizobium fredii* strains HH103 and NGR234 form nitrogen fixing nodules with diverse wild soybeans (*Glycine soja*) from Central China but are ineffective with those from Northern China. *Frontiers in Microbiology* 9: 02843.
483. Medina C, López-Baena FJ (2018) Host-Pathogen interactions: Molecular Methods. Medina C y López-Baena FJ (eds.). Springer-Nature Academic Press.
484. Jiménez-Guerrero I, Acosta-Jurado S, Del Cerro P, Navarro-Gómez P, López-Baena FJ, Ollero FJ, Vinardell JM, Pérez-Montaño F (2017) Transcriptomic studies of the effect of *nod* gene-inducing molecules in rhizobia: different weapons, one purpose. *Genes (Basel)* 9: E1.
485. Del Cerro P, Pérez-Montaño F, Gil-Serrano A, López-Baena FJ, Megías M, Hungria M, Ollero FJ (2017) The *Rhizobium tropici* CIAT 899 NodD2 protein regulates the production of Nod factors under salt stress in a flavonoid-independent manner. *Scientific Reports* 7: 46712.
486. Jiménez-Guerrero I, Pérez-Montaño F, Medina C, Ollero FJ, López-Baena FJ (2017) The *Sinorhizobium (Ensifer) fredii* HH103 nodulation outer protein NopI is a determinant for efficient nodulation of soybean and cowpea plants. *Applied and Environmental Microbiology* 83: e02770-16.
487. Pérez-Montaño F, Jiménez-Guerrero I, Acosta-Jurado S, Navarro-Gómez P, Ollero FJ, Ruiz-Sainz JE, López-Baena FJ, Vinardell JM (2016) A transcriptomic analysis of the effect of genistein on *Sinorhizobium fredii* HH103 reveals novel rhizobial genes putatively involved in symbiosis. *Scientific Reports* 6: 31592.
488. López-Baena FJ, Ruiz-Sainz JE, Rodríguez-Carvajal MA, Vinardell JM (2016) Bacterial molecular signals in the *Sinorhizobium fredii*-soybean symbiosis. *International Journal of Molecular Sciences* 17: E755.
489. Pérez-Montaño F, Del Cerro P, Jiménez-Guerrero I, López-Baena FJ, Cubo MT, Hungria M, Megías M, Ollero FJ (2016) RNA-seq analysis of the *Rhizobium tropici* CIAT 899 transcriptome shows similarities in the activation patterns of symbiotic genes in the presence of apigenin and salt. *BMC Genomics* 17: 198.
490. Jiménez-Guerrero I, Pérez-Montaño F, Medina C, Ollero FJ, López-Baena FJ (2015) NopC is a *Rhizobium*-specific type 3 secretion system effector secreted by *Sinorhizobium (Ensifer) fredii* HH103. *PLoS One* 10: e0142866.
491. Jiménez-Guerrero I, Pérez-Montaño F, Monreal JA, Preston GM, Fones H, Vioque B, Ollero FJ, López-Baena FJ (2015) The *Sinorhizobium (Ensifer) fredii* HH103 Type 3 secretion system suppresses early defense responses to effectively nodulate soybean. *Molecular Plant Microbe Interactions* 28: 790-799.
492. Pérez-Montaño F, Jiménez-Guerrero I, del Cerro P, Baena-Ropero I, López-Baena FJ, Ollero FJ, Bellogín R, Lloret J, Espuny R (2014) The symbiotic biofilm of *Sinorhizobium fredii* SMH12, necessary for successful colonization and symbiosis of *Glycine max* cv Osumi, is regulated by Quorum Sensing systems and inducing flavonoids via NodD1. *PLoS One* 9: e105901.
493. Pérez-Montaño F, Alías-Villegas C, Bellogín RA, del Cerro P, Espuny MR, Jiménez-Guerrero I, López-Baena FJ, Ollero FJ, Cubo T (2014) Plant growth promotion in cereal and leguminous agricultural important plants: from microorganism capacities to crop production. *Microbiological Research* 169: 325-336.
494. Díaz-Troya S, López-Maury L., Sánchez-Riego A.M., Roldan M, Florencio F.J. 2014. Redox regulation of glycogen biosynthesis in the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803. Analysis of the AGP and glycogen synthases. *Molecular Plant*. Jan;7(1):87-100.
495. WOS Mehta A., López-Maury L., Florencio F.J. 2014. Proteomic pattern alterations of the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803 in response to cadmium, nickel and cobalt. *Journal of Proteomics* 102:98-112.
496. WOS Kim JY, Kim EJ, López-Maury L., Bähler J., Jung-Hye Roe. 2014. A metabolic strategy to enhance long-term survival by Phx1 through stationary phase-specific pyruvate decarboxylases in fission yeast. *Aging (Albany NY)* 6(7):587-601.
497. Giner-Lamia J., López-Maury L., Florencio F.J. 2014. Global transcriptional profile of the copper responses in the cyanobacterium *Synechocystis* sp. PCC 6803. *PLOS ONE*. Sep 30;9(9):e108912
498. Giner-Lamia J., López-Maury L., Florencio F.J. 2015. CopM is a novel copper binding protein involved in copper resistance in *Synechocystis* sp. PCC 6803. *MicrobiologyOpen* 4 (1):167-85.
499. Giner-Lamia J., López-Maury L., Florencio F.J. 2016. Ni interferes in the Cu- regulated transcriptional switch *petJ/petE* in *Synechocystis* sp. PCC 6803. *FEBS letters*. 20: 3639-3648.

500. Buey R.M., Galindo-Trigo S., López-Maury L., Velázquez-Campoy A., Revuelta J.L., Florencio F.J., de Pereda J.M., Schürmann P., Buchanan B.B., Balsera M. 2017. A New Member Of The Thioredoxin Reductase Family From Early Oxygenic Photosynthetic Organisms. *Molecular Plant*. 10(1):212-215.
501. Buey R.M., Arellano J.B., López-Maury L., Galindo-Trigo S., Velázquez-Campoy A., Revuelta J.L., de Pereda J.M., Florencio F.J., Schürmann P., Buchanan B.B., Balsera M. 2017. An unprecedented pathway of reducing equivalents in a diflavin- linked disulfide oxidoreductase. *PNAS* 114(48): 12725–12730.
502. Lopez-Maury L.\*, Heredia-Martínez L.G., Florencio F.J. 2018. Characterization of TrxC an atypical thioredoxin exclusively present in cyanobacteria. *Antioxidants* 7(11). pii: E164. \* autor responsable de la correspondencia.
503. C. Calvo-Jurado, J. Casado-Díaz, Luna Laynez, M. A Brinkman law in the homogenization of the stationary Navier–Stokes system in a non- periodic porous medium, *Journal of Computational and Applied Mathematics*, 354 (2019), pp. 191-197.
504. M. Briane, J. Casado-Díaz, A. Pallarés-Martín, Luna Laynez, M. Convergence of equi-coercive nonlinear energies defined on vector-valued functions, with non-uniformly bounded coefficients, *Nonlinear Analysis, Theory, Methods and Applications*, 151 (2017), pp. 187-207.
505. C. Calvo-Jurado, J. Casado-Díaz, Luna Laynez, M. Homogenization of nonlinear Dirichlet problems in random perforated domains, *Nonlinear Analysis, Theory, Methods and Applications*, 133 (2016), pp. 250-274.
506. Homogenization of the Poisson equation with Dirichlet conditions in random perforated domains, C. Calvo-Jurado, J. Casado-Díaz, Luna Laynez, M. *Journal of Computational and Applied Mathematics* 275 (2015), pp. 375-381.
507. Barranco-Chamorro, I., Luque-Calvo, P.L., Jiménez-Gamero, M.D., Alba-Fernández, M.V. 2017. A study of risks of Bayes estimators in the generalized half-logistic distribution for progressively type-II censored samples. *Mathematics and Computers in Simulation*, 137, pp. 130-147
508. Casado-Díaz, J. y Maestre, F. (2019), An elliptic equation in an unbounded cylinder: applications to the behavior of a wave in a thin beam with boundary conditions. *Revista Matematica Complutense*, 32, 681-730.
509. Fernández-Cara, E. y Maestre, F. (2018) An inverse problem in elastography involving Lamé systems. *J. Inverse Ill-Posed Probl.* 5. 589-605.
510. Buttazzo, G., Maestre, F. Y Velichkov, B. (2018) Optimal Potentials for Problems with Changing Sign Data. *Journal of Optimization Theory and Applications*. <https://doi.org/10.1007/s10957-018-1347-9>
511. Casado-Díaz, J. Couce-Calvo J. Maestre, F. y Martín-Gómez, J.D. (2015) A corrector for a wave problem with periodic coefficients in a 1D bounded domain. *ESAIM: Control, Optimisation and Calculus of Variations*, 21, 465-486.
512. Casado-Díaz, J. Couce-Calvo J. Maestre, F. y Martín-Gómez, J.D. (2014) Homogenization and correctors for the wave equation with periodic coefficients, *Mathematical Models and Methods in Applied Sciences*, 24: 1343-1388.
513. Almuedo-Castillo, M., Bläse, A., Mörsdorf, D., Marcon, L., Soh, G.H., Rogers, K.W., Schier, A.F., Müller, P. Scale-invariant patterning by size-dependent inhibition of Nodal signalling (2018) *Nature Cell Biology*.
514. Diego, X., Marcon, L., Müller, P., Sharpe, J. Key Features of Turing Systems are Determined Purely by Network Topology (2018) *Physical Review X*.
515. Onimaru, K., Marcon, L., Musy, M., Tanaka, M., Sharpe, J. The fin-to-limb transition as the re-organization of a Turing pattern (2016) *Nature Communications*.
516. Marcon, L., Diego, X., Sharpe, J., Müller, P. High-throughput mathematical analysis identifies turing networks for patterning with equally diffusing signals (2016) *eLife*.
517. Uzkudun, M., Marcon, L., Sharpe, J. Data-driven modelling of a gene regulatory network for cell fate decisions in the growing limb bud (2015) *Molecular Systems Biology*.
518. Raspopovic, J., Marcon, L., Russo, L., Sharpe, J. Digit patterning is controlled by a Bmp-Sox9-Wnt Turing network modulated by morphogen gradients (2014) *Science*.
519. Maria C. Millan-Linares, Rocio Toscano, Ana Lemus-Conejo, Maria E. Martin, Justo Pedroche, Francisco Millan, Sergio Montserrat-de la Paz 2019 GPETAFLR, a biopeptide from *Lupinus angustifolius* L., protects against oxidative and inflammatory damage in retinal-pigmented epithelium cells *Journal of Food Biochemistry*, 00:e12995
520. Maria E. Martin, Maria C. Millan-Linares, Maria C. Naranjo, Rocio Toscano, Rocio Abia, Francisco

- J. G. Muriana, Beatriz Bermudez, Sergio Montserrat-de la Paz. 2019 Minor compounds from virgin olive oil attenuate LPS-induced inflammation via visfatin-related gene modulation on primary human monocytes. *J Food Biochem.*, 43, e1294
- 521.P. Pérez, G. Huertas; A. Olmo, A. Maldonado-Jacobi, J. A. Serrano, M. E. Martín, P. Daza and A. Yúfera. 2018 Remote Cell Growth Sensing Using Self-Sustained Bio-Oscillations. *Sensors*, vol. 18 nº 8.
- 522.J. A. Serrano, G. Huertas, A. Maldonado-Jacobi, A. Olmo, P. Pérez, M. E. Martín, P. Daza and A. Yúfera. 2018 An Empirical-Mathematical Approach for Calibration and Fitting Cell-Electrode Electrical Models in Bioimpedance Tests. *REVISTA: Sensors*, vol. 18 nº 7
- 523.P. Pérez, G. Huertas, A. Maldonado-Jacobi, M. Martín, J. A. Serrano, A. Olmo, P. Daza and A. Yúfera, 2018 Sensing Cell-Culture Assays with Low-Cost Circuitry. *Scientific Reports*, nature group 8: 8841
- 524.Maria C. Millán-Linares, Beatriz Bermudez, Maria E. Martin, Ernesto Muñoz, Rocio Abia, Francisco Millán, Francisco J. G. Muriana, Sergio Montserrat-de la Paz. 2018. Unsaponifiable fraction isolated from grape (*Vitis vinifera L.*) seed oil attenuates oxidative and inflammatory responses in human primary monocytes. *Food&Funct.*, 9, 2517-2523.
- 525.Montserrat de la Paz, Sergio, Martín Rubio, María Esther, Daza Navarro, Paula, Biessen, Erik al, BermudezPulgarin, Beatriz. AÑO: 2017 Meeting-Abstract: IKK is involved in pro-inflammatory activity of extracellular nicotinamide phosphoribosyltransferase (eNAMPT) in bone marrow-derived macrophages. *REVISTA: Basic &ClinicalPharmacology&Toxicology*. Vol. 121.
- 526.Martín Rubio, María Esther, Daza Navarro, Paula, Montserrat de la Paz, Sergio, BermudezPulgarin, Beatriz. 2017. Meeting-Abstract: Students of the Primary Education Degree, as the new player in health and nutrition promotion. *Basic & Clinical Pharmacology & Toxicology*. Vol.121.
- 527.Manzano-López, Javier; Pérez-Linero, Ana María; Aguilera-Romero, Maria Auxiliadora; Martín-Rubio, María Esther; Okano, Tatsuki; Silva, Daniel Varon; Seeberger, Peter H.; Riezman, Howard; Funato, Koichi; Goder-, Veit; Wellinger-, Ralf. 2015. COPII coat composition is actively regulated by luminal cargo maturation.*Current Biology*, 25, 152-162
- 528.J.P. Carandang, F.G.C. Cabarle, H.N. Adorna, N.H.S. Hernandez, M.Á. Martínez-del-Amor. Handling Non-determinism in Spiking Neural P Systems: Algorithms and Simulations. *Fundamenta Informaticae*, 164, 2-3 (2019), 139-155.
- 529.M. García, M.J. Reed, F.S. Chew, M.Á. Martínez-del-Amor, M.J. Pérez- Jiménez. Evolutionary response of a native butterfly to concurrent plant invasions: simulation of population dynamics. *Ecological modelling*, 360 (2017), 410-424.
- 530.M.A. Martínez-del-Amor, L.F. Macías-Ramos, L. Valencia-Cabrera, M.J. Pérez-Jiménez. Parallel simulation of Population Dynamics P systems: updates and roadmap. *Natural Computing*, 15, 4 (2016), 565-573.
- 531.M.A. Colomer-Cugat, M. García-Quismondo, L.F. Macías-Ramos, M.A. Martínez-del-Amor, I. Pérez-Hurtado, M.J. Pérez-Jiménez, A. Riscos-Núñez, L. Valencia-Cabrera. Membrane system-based models for specifying Dynamical Population systems. In P. Frisco, M. Gheorghie, M.J. Pérez-Jiménez (eds.), *Applications of Membrane Computing in Systems and Synthetic Biology. Emergence, Complexity and Computation series, Volume 7. Chapter 4*, pp. 97-132, 2014, Springer Int. Publishing. ISBN 978-3-319-03190-3
- 532.Sukumaran Sunitha; et al. 2019. The role of UV-B light on small RNA activity during grapevine berry development. In press.G3: Genes, Genomes, Genetics. Genetics Society of America (United States). 9-3, pp.769-787.
- 533.Vanessa Ferreira; et al. 2019. Genetic analysis of a white-to-red berry skin color reversion and its transcriptomic and metabolic consequences in grapevine (*Vitis vinifera* cv. ‘Moscatel Galego’). In press.BMC Genomics.
- 534.Alessandro Vannozzi; et al. 2018. Combinatorial regulation of stilbene synthase genes by WRKY and MYB transcription factors in grapevine (*Vitis vinifera L.*) *Plant and Cell Physiology*.
- 535.Xiaoming Sun; et al. (14/1). 2018. The GARP/MYB-related grape transcription factor AQUILO improves cold tolerance and promotes the accumulation of raffinose family oligosaccharides *Journal of Experimental Botany*.
- 536.Stefan Czemmell; et al. 2017. Transcriptome-wide identification of novel flavonol pathway genes controlled by the grapevine transcription factor VviMYBF1 and their modulation by sunlight and UV-B field regimes *Frontiers in Plant Science*.
- 537.José Tomás Matus; et al. 2017. A group of grapevine MYBA transcription factors located in chromosome 14 control anthocyanin synthesis in vegetative organs with different specificities

- compared with the berry color locus. *The Plant Journal*. 91-2, pp.220-236.
538. Darren Chern Jan Wong; José Tomás Matus. 2017. Constructing Integrated Networks for Identifying New Secondary Metabolic Pathway Regulators in Grapevine: Recent Applications and Future Opportunities *Frontiers in Plant Science*. 8.
539. José Tomás Matus. 2016. Transcriptomic and Metabolomic Networks in the Grape Berry Illustrate That it Takes More Than Flavonoids to Fight Against Ultraviolet Radiation. *Frontiers In Plant Science*. Review.7-1337.
540. Rodrigo Loyola; et al. 2016. The photomorphogenic factors UV-B RECEPTOR 1, ELONGATED HYPOCOTYL 5, and HY5 HOMOLOGUE are part of the UV-B signalling pathway in grapevine and mediate flavonol accumulation in response to the environment. *Journal of Experimental Botany*.
541. Darren Chern Jan Wong; et al. 2016. A systems-oriented analysis of the grapevine R2R3-MYB transcription factor family uncovers new insights into the regulation of stilbene accumulation DNA research. Elsevier. 23-5, pp.451-466.
542. Mariana Bustamante; José Tomás Matus; José Luis Riechmann. 2016. Genome-wide analyses for dissecting gene regulatory networks in the shoot apical meristem. *Journal of Experimental Botany*. Review. Oxford Journals.
543. Erika Cavallini; et al. 2015. The phenylpropanoid pathway is controlled at different branches by a set of R2R3-MYB C2 repressors in grapevine *Plant Physiology*.
544. Alice Pajoro; et al. 2014. Dynamics of chromatin accessibility and gene regulation by MADS-domain transcription factors in flower development. *Genome Biology*. BioMed Central. 15(3):R41, pp.1-18.
545. José Tomás Matus; Thilia Ferrier; José Luis Riechmann. 2014. Identification of Arabidopsis knockout lines for genes of interest. *Methods in Molecular Biology*. Springer. 1110, pp.347-362.
546. José Tomás Matus; et al. 2014. Inspection of the Grapevine BURP Superfamily Highlights an Expansion of RD22 Genes with Distinctive Expression Features in Berry Development and ABA-Mediated Stress Responses *PLOS One*. PLOS (Public Library of Science). 9(10)-e110372, pp.1-15.
547. López-Baena FJ, Vinardell JM, Medina C. (2019). Regulation of Protein Secretion Systems Mediated by Cyclic Diguanylate in Plant-Interacting Bacteria. *Front Microbiol*. 12;10:1289. doi: 10.3389/fmicb.2019.01289
548. Camacho M, Medina C, Rodríguez-Navarro DN, Temprano Vera F. (2019). Biodiversity of rhizobia present in plant nodules of *Biserrula pelecinus* across Southwest Spain. *Syst Appl Microbiol*. 42(3):415-421. doi: 10.1016/j.syapm.2019.03.005.
549. Medina, C, Camacho EM, Mesa-Pereira B, Flores A, Santero, E (2018). Molecular methods to analyze the effect of proteins expressed by *Salmonella* during its intracellular stage. In *Host-Pathogen Interactions: Methods and Protocols*, *Methods in Molecular Biology*, vol. 1734, [https://doi.org/10.1007/978-1-4939-7604-1\\_7](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-7604-1_7)
550. Acosta-Jurado S, Navarro-Gómez P, Crespo-Rivas JC, Medina C, Murdoch PS, Cuesta-Berrio L, Rodríguez-Carvajal MA, Ruiz-Sainz JE, Vinardell JM. (2017). The *Sinorhizobium fredii* HH103 rkp-2 region is involved in the biosynthesis of lipopolysaccharide and exopolysaccharide but not in K-antigen polysaccharide production. *Plant and soil*. DOI: 10.1007/s11104-017-3268-z.
551. Camacho E.M., Mesa-Pereira B., Medina, C, Flores A., Santero, E. (2016). Engineering *Salmonella* as intracellular factory for effective killing of tumour cells. *Scientific Reports* 6, Article number: 30591. doi:10.1038/srep30591
552. Jiménez-Guerrero I, Pérez-Montañó F, Medina C, Ollero FJ, López-Baena FJ. (2016) The *Sinorhizobium (Ensifer) fredii* HH103 nodulation outer protein NopI is a determinant for efficient nodulation of soybean and cowpea. *Applied and Environmental Microbiology*. 83:e02770- 16 doi: 10.1128/AEM.02770-16
553. Jiménez-Guerrero I, Pérez-Montañó F, Medina C, Ollero FJ, López-Baena FJ. (2015). NopC Is a Rhizobium-Specific Type 3 Secretion System Effector Secreted by *Sinorhizobium (Ensifer) fredii* HH103. *PLoS One*. 2015 Nov 16;10(11):e0142866. doi: 10.1371/journal.pone.0142866.
554. Mesa-Pereira B, Medina C, Camacho EM, Flores A, Santero E (2015) Improved cytotoxic effects of *Salmonella* producing cytosine deaminase in tumour cells. *Microbial Biotechnology*. 2015 Jan;8(1):169-76.
555. Mejias R\*, Chiu SL, Han M, Rose R, Gil-Infante A, Zhao Y, Haganir RL, Wang T\*. Purkinje cell-specific Grip1/2 knockout mice show increased repetitive self-grooming and enhanced mGluR5 signaling in cerebellum. *Neurobiol Dis*, 2019, *in press*.
556. Han M, Mejias R, Chiu SL, Rose R, Adamczyk A, Haganir RL, and Wang T. Mice lacking GRIP1/2 show increased social interactions and enhanced phosphorylation of GluA2-S880. *Behav Brain Res*

- 321: 176-184, 2017.
557. MacDonald EM, Andres-Mateos E, Mejias R, Simmers JL, Ying S, Hoke A, Lee SJ, and Cohn RD. Denervation atrophy is independent from Akt and mTOR activation and responds differently than disuse atrophy to myostatin inhibition. *Disease Models & Mechanisms* 7:471-81, 2014.
558. Willian Cintra, Cristian Morales-Rodrigo, Antonio Suárez. Title: Coexistence states in a cross-diffusion system of a predator-prey model with predator satiation term. Journal: *Math. Models Methods Appl. Sci.* 28 (2018), nº 11, 2131-2159. ISSN: 0218-2025. Ranking: 6/252 (JCR 2017, Applied Mathematics) Q1.
559. Tarcyana S. Figueiredo de Sousa, Cristian Morales-Rodrigo, Antonio Suárez. Title: The influence of a metasolution on the behaviour of the logistic equation with nonlocal diffusion coefficient. Journal: *Calc. Var. Partial Differential Equations* 57 (2018), Paper nº100, 26pp. ISSN: 0944-2669. Ranking: 19/309 (JCR 2017, Mathematics) Q1.
560. Tarcyana S. Figueiredo de Sousa, Cristian Morales-Rodrigo, Antonio Suárez. Title: A non-local non-autonomous diffusion problems: linear and sublinear cases. Journal: *Z. Angew. Math. Phys.* 68 (2017), nº 5 68:108. ISSN: 0044-2275. Ranking: 44/252 (JCR 2017, Applied Mathematics) Q1.
561. Willian Cintra, Cristian Morales-Rodrigo, Antonio Suárez. Title: Refuge versus dispersion in the logistic equation. Journal: *J. Differential Equations* 262 (2017), nº 11, 5606-5634.
562. Willian Cintra, Cristian Morales-Rodrigo, Antonio Suárez. Title: Combining linear and fast diffusion in a nonlinear elliptic equation. Journal: *Calc. Var. Partial Differential Equations* 56 (2017), nº 1, Paper nº2, 22pp. ISSN: 0944-2669. Ranking: 19/309 (JCR 2017, Mathematics) Q1.
563. G. M. Figueiredo, Cristian Morales-Rodrigo, Joao R. Santos Junior, Antonio Suárez. Title: Study of a nonlinear Kirchhoff equation with non-homogeneous material. Journal: *J. Math. Anal. Appl.* 416 (2014) nº 2, 597-608.
564. Cristian Morales-Rodrigo, Jose Ignacio Tello. Title: Global existence and asymptotic behavior of a tumor angiogenesis model with chemotaxis and haptotaxis Journal: *Math. Models Methods Appl. Sci.* 24 (2014) nº 3, 427-464.
565. Wirth, N. T., E. Kozaeva, and P. I. Nikel† (2019) Accelerated genome engineering of *Pseudomonas putida* by I-SceI—mediated recombination and CRISPR-Cas9 counterselection. *Microb. Biotechnol.* In press, DOI: 10.1111/1751-7915.13396.
566. Volke, D. C., J. Turlin, V. Mol, and P. I. Nikel (2019) Physical decoupling of XylS/Pm regulatory elements and conditional proteolysis enable precise control of gene expression in *Pseudomonas putida*. *Microb. Biotechnol.* In press, DOI: 10.1111/1751-7915.13383.
567. Poblete-Castro, I., C. Wittmann, and P. I. Nikel† (2019) Biochemistry, genetics, and biotechnology of glycerol utilization in *Pseudomonas* species. *Microb. Biotechnol.* In press, DOI: 10.1111/1751-7915.13400.
568. Goñi-Moreno, A., and P. I. Nikel (2019) High-performance biocomputing in Synthetic Biology—Integrated transcriptional and metabolic circuits. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 7: 40.
569. Calero, P., and P. I. Nikel (2019) Chasing bacterial chassis for metabolic engineering: A perspective review from classical to non-traditional microorganisms. *Microb. Biotechnol.* 12: 98-124.
570. Huang, W. E., and P. I. Nikel† (2019) The *Synthetic Microbiology Caucus*: from abstract ideas to turning microbes into cellular machines and back. *Microb. Biotechnol.* 12: 5-7.
571. Corona, F., J. L. Martínez, and P. I. Nikel† (2019) The global regulator Crc orchestrates the metabolic robustness underlying oxidative stress resistance in *Pseudomonas aeruginosa*. *Environ. Microbiol.* DOI: 10.1111/1462-2920.14471.
572. Akkaya, Ö., D. Pérez-Pantoja, B. Calles, P. I. Nikel†, and V. de Lorenzo (2018) The metabolic redox regime of *Pseudomonas putida* tunes its evolvability towards novel xenobiotic substrates. *mBio*, 9: mBio01512-18.
573. Durante-Rodríguez, G., V. de Lorenzo, and P. I. Nikel† (2018) A post-translational metabolic switch enables complete decoupling of bacterial growth from biopolymer production in engineered *Escherichia coli*. *ACS Synth. Biol.* 7: 2686-2697.
574. Volke, D. C., and P. I. Nikel† (2018) Getting bacteria in shape: Synthetic morphology approaches for the design of efficient microbial cell factories. *Adv. BioSyst.* 2: 1870102.
575. Akkaya, Ö., P. I. Nikel, D. Pérez-Pantoja, and V. de Lorenzo (2018) Evolving metabolism of 2,4-dinitrotoluene triggers SOS-independent diversification of host cells. *Environ. Microbiol.* 21: 314-326.
576. Nikel, P. I., and V. de Lorenzo† (2018) *Pseudomonas putida* as a functional chassis for industrial biocatalysis: From native biochemistry to trans-metabolism. *Metab. Eng.* DOI: 10.1016/j.ymben.2018.05.005.

577. Sánchez-Pascuala, A., P. I. Nickel, and V. de Lorenzo (2017) Re-factoring glycolytic genes for targeted engineering of catabolism in Gram-negative bacteria. *Methods Mol. Biol.* 1772: 3-24.
578. Nickel, P. I., and V. de Lorenzo (2018) Assessing carbon source-dependent phenotypic variability in *Pseudomonas putida*. *Methods Mol. Biol.* 1745: 287-301.
579. Sánchez-Pascuala, A., V. de Lorenzo, and P. I. Nickel† (2017) Refactoring the Embden-Meyerhof-Parnas pathway as a whole of portable *GlucoBricks* for implantation of glycolytic modules in Gram-negative bacteria. *ACS Synth. Biol.* 6: 793-805.
580. Dvořák, P., P. I. Nickel, J. Damborský, and V. de Lorenzo (2017) *Bioremediation 3.0*: Engineering pollutant-removing bacteria in the times of systemic biology. *Biotechnol. Adv.* 35: 845-866.
581. Mezzina, M. P., D. Álvarez, D. Egoburo, R. Díaz Peña, P. I. Nickel, and M. J. Pettinari (2017) A new player in the biorefineries field: phasin PhaP enhances tolerance to solvents and boosts ethanol and 1,3-propanediol synthesis in *Escherichia coli*. *Appl. Environ. Microbiol.* 83: e00662-17.
582. Martínez-García, E., T. Aparicio, V. de Lorenzo, and P. I. Nickel (2017) Engineering Gram-negative microbial cell factories using transposon vectors. *Methods Mol. Biol.* 1498: 273-293.
583. Nickel, P. I.† (2017) Unexpected functions of automatically annotated genes: a lesson learnt from *Bacillus subtilis*. *Environ. Microbiol.* 19: 5-6.
584. Chavarría, M., A. Goñi-Moreno, V. de Lorenzo, and P. I. Nickel (2016) A metabolic widget adjusts the phosphoenolpyruvate-dependent fructose influx in *Pseudomonas putida* KT2440. *mSystems*, 1: e00154-16.
585. Nickel, P. I., D. Pérez-Pantoja, and V. de Lorenzo (2016) Pyridine nucleotide transhydrogenases enable redox balance of *Pseudomonas putida* during biodegradation of aromatic compounds. *Environ. Microbiol.* 18: 3565-3582.
586. Nickel, P. I.†, M. Chavarría, A. Danchin, and V. de Lorenzo (2016) From dirt to industrial applications: *Pseudomonas putida* as a Synthetic Biology chassis for hosting harsh biochemical reactions. *Curr. Opin. Chem. Biol.* 34: 20-29.
587. Belda, E., R. G. A. van Heck, M. J. López-Sánchez, S. Cruveiller, V. Barbe, C. Fraser, H. P. Klenk, J. Petersen, A. Morgat, P. I. Nickel, D. Vallenet, Z. Rouy, Sekowska, V. A. P. Martins dos Santos, V. de Lorenzo, A. Danchin, and C. Médigue (2016) The revisited genome of *Pseudomonas putida* KT2440 enlightens its value as a robust metabolic chassis. *Environ. Microbiol.* 18: 3403-3424.
588. Tamames, J., P. D. Sánchez, P. I. Nickel, and C. Pedrós-Alió (2016) Quantifying the relative importance of phylogeny and environmental preferences as drivers of gene content in prokaryotic microorganisms. *Front. Microbiol.* 7: 433.
589. Benedetti, I., V. de Lorenzo, and P. I. Nickel† (2016) Genetic programming of catalytic *Pseudomonas putida* biofilms for boosting biodegradation of haloalkanes. *Metab. Eng.* 33: 109-118.
590. Benedetti, I., P. I. Nickel, and V. de Lorenzo (2016) Data on the standardization of a cyclohexanone-responsive expression system for Gram-negative bacteria. *Data in Brief* 6: 738-744.
591. Santangelo, M. P., A. Heuberger, F. C. Blanco, M. A. Forrellad, C. Taibo, J. Sabio-García, L. I. Klepp, P. I. Nickel, M. Jackson, and F. Bigi (2016) Metabolic profile of *Mycobacterium smegmatis* reveals Mce4 proteins are relevant for cell wall lipid homeostasis. *Metabolomics* 12: 97.
592. Godoy, M. S., P. I. Nickel‡, J. G. Cabrera Gomez, and M. J. Pettinari (2016) The CreC regulator of *Escherichia coli*, a new target for metabolic manipulations. *Appl. Environ. Microbiol.* 82: 244-254.
593. Dvořák, P., L. Chrást, P. I. Nickel, R. Fedr, K. Soucek, M. Sedlacková, R. Chaloupková, V. de Lorenzo, Z. Prokop, and J. Damborský (2015) Exacerbation of substrate toxicity by IPTG in *Escherichia coli* BL21(DE3) carrying a synthetic metabolic pathway. *Microb. Cell Fact.* 14: 201.
594. Nickel, P. I., M. Chavarría, T. Fuhrer, U. Sauer, and V. de Lorenzo (2015) *Pseudomonas putida* KT2440 strain metabolizes glucose through a cycle formed by enzymes of the Entner-Doudoroff, Embden-Meyerhof-Parnas, and pentose phosphate pathways. *J. Biol. Chem.* 290: 25920-25932.
595. Arce-Rodríguez, A., B. Calles, P. I. Nickel, and V. de Lorenzo (2015) The RNA chaperone Hfq enables the environmental stress tolerance super-phenotype of *Pseudomonas putida*. *Environ. Microbiol.* 18: 3309-3326.
596. Svenningsen, N. B., D. Pérez-Pantoja, P. I. Nickel, M. H. Nicolaisen, V. de Lorenzo, and O. Nybroe (2015) *Pseudomonas putida* mt-2 tolerates reactive oxygen species generated during matrix stress by inducing a major oxidative defense response. *BMC Microbiol.* 15: 202.
597. Nickel, P. I., F. J. Romero-Campero, J. A. Zeidman, A. Goñi-Moreno, and V. de Lorenzo (2015) The glycerol-dependent metabolic persistence of *Pseudomonas putida* KT2440 reflects the regulatory logic of the GlpR repressor. *mBio*, 6: e00340-15.
598. Lieder, S., P. I. Nickel, V. de Lorenzo, and R. Takors (2015) Genome reduction boosts heterologous gene expression in *Pseudomonas putida*. *Microb. Cell Fact.* 14: 23.

599. Nikel, P. I., E. Martínez-García, and V. de Lorenzo (2014) Biotechnological domestication of pseudomonads using synthetic biology. *Nat. Rev. Microbiol.* 12: 368-379.
600. Martínez-García, E., T. Aparicio, V. de Lorenzo, and P. I. Nikel† (2014) New transposon tools tailored for metabolic engineering of Gram-negative microbial cell factories. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 2: 46.
601. Martínez-García, E., P. I. Nikel, T. Aparicio, and V. de Lorenzo (2014) *Pseudomonas* 2.0: genetic upgrading of *P. putida* KT2440 as an enhanced host for heterologous gene expression. *Microb. Cell Fact.* 13: 159.
602. Nikel, P. I., R. Silva-Rocha, I. Benedetti, and V. de Lorenzo (2014) The private life of environmental bacteria: pollutant biodegradation at the single cell level. *Environ. Microbiol.* 16: 628-642.
603. Nikel, P. I., and V. de Lorenzo (2014) Robustness of *Pseudomonas putida* KT2440 as a host for ethanol biosynthesis. *New Biotechnol.* 31: 562-571.
604. Martínez-García, E., P. I. Nikel, M. Chavarría, and V. de Lorenzo (2014) The metabolic cost of flagellar motion in *Pseudomonas putida* KT2440. *Environ. Microbiol.* 16: 291-303.
605. Nikel, P. I., J. Kim, and V. de Lorenzo (2014) Metabolic and regulatory rearrangements underlying glycerol metabolism in *Pseudomonas putida* KT2440. *Environ. Microbiol.* 16: 239-254.
606. pairwise gene GO-based measures for biclustering of high-dimensional expression data. Nepomuceno J., Troncoso A., Nepomuceno-Chamorro I.A., Aguilar-Ruiz, J.S., *BioData Mining*, 2018, 11(1): 4:1-4:19. DOI: 10.1186/s13040-018-0165-9
607. Cristina Rubio-Escudero, Justo Valverde-Fernández, Isabel A Nepomuceno- Chamorro, Beatriz Pontes-Balanza, Yoedusvany Hernández-Mendoza, Alfonso Rodríguez- Herrera (2017) Data Mining Techniques Applied to Hydrogen Lactose Breath Test PLOS ONE 12.
608. María Martínez-Ballesteros, Jose M García-Heredia, Isabel A Nepomuceno Chamorro, José C Riquelme-Santos (2017) Machine learning techniques to discover genes with Potential Prognosis Role in Alzheimer's Disease using different biological sources *Information Fusion* 36: 114-129 July.
609. Isabel A Nepomuceno Chamorro (2016) Model tree to improve the inference of gene association networks *AI Communications* 29: 547--549.
610. Nepomuceno JA, Troncoso Lora A, Nepomuceno-Chamorro IA, Aguilar-Ruiz JS. Integrating biological knowledge based on functional annotations for biclustering of gene expression data. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 119: 3. 163-180, 2015.
611. Lopez Guerra JL, Matute R, Puebla F, Sánchez-Reyes A, Pontes B, Rubio C, Nepomuceno Chamorro IA, Acevedo C, Isa N, Lengua R, raena-Fernández JM, Rivin del Campo E, Ortiz MJ, Azinovic I. Ethnic difference in risk of toxicity in prostate cancer patients treated with dynamic arc radiation therapy. *Tumori (In press)* 2015.
612. Nepomuceno-Chamorro IA, Márquez AE, Aguilar Ruiz JS. Building transcriptional association networks in Cytoscape with RegNetC *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 2014.
613. Rodius, Nazarov, Nepomuceno-Chamorro, Jeanty, González-Rosa, Ibberson, M Benites da Costa, Xenarios, Mercader, Azuaje. Transcriptional response to cardiac injury in the zebrafish: systematic identification of genes with highly concordant activity across in vivo models *BMC Genomics* 15: 852 October, 2014.
614. Martínez-Ballesteros M., Nepomuceno-Chamorro I.A., Riquelme J.C. Discovering gene association networks by multi-objective evolutionary quantitative association rules. *Journal of Computer and System Sciences*, Vol. 80 (1), pp. 118-136, 2014.
615. Biclustering of Gene Expression Data Based on SimUI Semantic Similarity Measure. Juan A. Nepomuceno, Alicia Troncoso, Isabel A. Nepomuceno-Chamorro, Jesús S. Aguilar-Ruiz. *H AIS* 2016: 685-693
616. A Game Theoretic Neighbourhood-Based Relevance Index. Cesari G., Algaba E., Moretti S., Nepomuceno J., A Game Theoretic Neighbourhood-Based Relevance Index, *Complex Networks*, 2017, 29-40.
617. Estefanía Burgos-Morón et al. "Selective Cytotoxic Activity and DNA Damage by an Epoxyalkyl Galactopyranoside". *Drug development research*. 2018. 2018 Dec;79(8):426-436.
618. Estefanía Burgos-Morón, et al. "The Cockayne Syndrome protein B is involved in the repair of 5-aza-2'-deoxycytidine-induced DNA lesions". *ONCOTARGET*. 2018. 2018 Oct 12;9(80):35069-35084.
619. Orta ML et al. "Zebularine induces replication-dependent double-strand breaks which are preferentially repaired by Homologous Recombination". *DNA REPAIR*. 2017. Sep; 57:116-124 (First and corresponding author).

620. Brzozowska B et al. "RENEB accident simulation exercise". *International Journal Of Radiation Biology*. 2017. Vol. 93. Núm. 1. Pag. 75-80.
621. Burgos-Morón E et al. "Cells Deficient in the Fanconi Anemia Protein FANCD2 are Hypersensitive to the Cytotoxicity and DNA Damage Induced by Coffee and Caffeic Acid". *TOXINS (Basel)*. 2016 Jul 8;8(7).
622. Orta ML et al: "The PARP inhibitor Olaparib disrupts base excision repair of 5-aza-2'-deoxycytidine lesions". *Nucleic Acids Research* 42 (14) Págs: 9108-20 Fecha: 2014
623. Calderón-Montañó JM et al. "Effect of DNA Repair Deficiencies on the Cytotoxicity of Drugs Used in Cancer Therapy - A Review". <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23867916> *CURR MED CHEM*. Vol: 21 (30) Pag: 9 Fecha: 2014
624. Orta ML et al. "5-Aza-2'-deoxycytidine causes replication lesions that require Fanconi anemia-dependent homologous recombination for repair". *Nucleic Acids Research*. Vol: 41 Pág: 582-5836. 2013.
625. Groth P et al. "Homologous recombination repairs secondary replication induced DNA double-strand breaks after ionizing radiation". *Nucleic Acids Research* Vol: 40 Pág: 6585- 6594 2012.
626. Brandrud MK, Baar J, Lorenzo MT, Athanasiadis A, ... Paun O. 2019. Phylogenomic Relationships of Diploids and the Origins of Allotetraploids in *Dactylorhiza* (Orchidaceae), *Systematic Biology*, syz035
627. Paun O, Verhoeven K, Richards C. 2019. Opportunities and limitations of reduced representation bisulfite sequencing in plant ecological epigenomics. *New Phytologist* 221: 738-742.
628. Heckenhauer J, Paun O, Chase MK, Ashton PS, Kamariah AS, Samuel R. 2018. Molecular phylogenomics of the tribe *Shoreeae* (Dipterocarpaceae) using whole plastid genomes, *Annals of Botany* 123:857–865.
629. Bateman RM, Sramkó GB, Paun O. 2018. Integrating restriction site-associated DNA sequencing (RAD-seq) with morphological cladistic analysis clarifies evolutionary relationships among major species groups of bee orchids. *Annals of Botany* 121:85–105.
630. Balao F, Trucchi E, Wolfe T, Hao B-H, Lorenzo MT, Baar J, Sedman L, Kosiol C, Amman F, Chase M, Hedrén M, Paun O. 2017. Adaptive sequence evolution is driven by biotic stress in a pair of orchid species (*Dactylorhiza*) with distinct ecological optima. *Molecular Ecology*, 26:3649–3662
631. Trucchi E, ..., Paun O. 2017. Genomic analyses suggest parallel ecological divergence in *Heliosperma pusillum* (Caryophyllaceae). *New Phytologist* 216: 267-278.
632. Richards CL, Alonso C, Becker C... Paun O... & Verhoeven K. 2017. Ecological plant epigenetics: Evidence from model and non-model species, and the way forward. *Ecology Letters* 20:1576-1590.
633. Trucchi E, Mazzarella AB, Gilfillan GD, Lorenzo MT, Schönswetter P, Paun O. 2016. BsRADseq: screening DNA methylation in natural populations of non-model species. *Molecular Ecology*, 25, 1697–1713.
634. Paun O, Turner B, Trucchi E, Munzinger J, Chase MW, Samuel R. 2016. Processes driving the adaptive radiation of a tropical tree (*Diospyros*, Ebenaceae) in New Caledonia, a biodiversity hotspot. *Systematic Biology*, 65: 212-227.
635. Hojsgaard D, Greilhuber J, Pellino M, Paun O, Sharbel TF, Hörandl E. 2014. Emergence of apospory and bypass of meiosis via apomixis after sexual hybridisation and polyploidisation. *New Phytologist*, 204: 1000-1012.
636. Wei W<sup>#</sup>, Hennig BP, Wang J, Zhang Y, Ilaria Piazza, Pareja Sanchez Y, Chabbert CD, Adjalley SH, Steinmetz LM<sup>#</sup>, Pelechano V<sup>#</sup>. Chromatin-sensitive cryptic promoters encode alternative protein isoforms in yeast. *bioRxiv*. 2019 (*preprint article, under review in Genome Research*) doi: <https://doi.org/10.1101/403543>
637. Garcia-Moreno M, Noerenberg M, Ni S, Järvelin AI, González-Almela E, Lenz CE, Bach-Pages M, Cox V, Avolio R, Davis T, Hester S, Sohler TJM, Li B, Heikel G, Michlewski G, Sanz MA, Carrasco L, Ricci EP, Pelechano V, Davis I, Fischer B, Mohammed S, Castello A. System-wide Profiling of RNA-Binding Proteins Uncovers Key Regulators of Virus Infection. *Mol Cell*. 2019 Feb 21. pii: S1097-2765(19)30037- 1. doi: 10.1016/j.molcel.2019.01.017.
638. Nielsen M, Ard R\*, Leng X\*, Ivanov M\*, Kindgren P, Pelechano V, Marquardt S. Transcription-driven chromatin repression of Intragenic transcription start sites. *PLoS Genet*. 2019 Feb 1;15(2):e1007969. doi: 10.1371/journal.pgen.1007969.
639. Gaviraghi M, Vivori C, Pareja Sanchez Y, Invernizzi F, Cattaneo A, Santoliquido BM, Frenquelli M, Segalla S, Bachi A, Doglioni C, Pelechano V, Cittaro D, Tonon G. Tumor suppressor PNR1 blocks rRNA maturation by recruiting the decapping complex to the nucleolus. *EMBO J*. 2018 Oct 29. pii: e99179. doi: 10.15252/embj.201899179

640. Garre E, Pelechano V, Sánchez Del Pino M, Alepuz P, Sunnerhagen P. The Lsm1-7/Pat1 complex binds to stress-activated mRNAs and modulates the response to hyperosmotic shock. *PLoS Genet.* 2018 Jul 30;14(7):e1007563. doi: 10.1371/journal.pgen.1007563.
641. Ladds MJGW, van Leeuwen IMM, Drummond CJ, Chu S, Healy AR, Popova G, Fernández AP, Mollick T, Darekar S, Sedimbi SK, Nekulova M, Sachweh MCC, Campbell J, Higgins M, Tuck C, Popa M, Safont MM, Gelebart P, Fandalyuk Z, Thompson AM, Svensson R, Gustavsson A-L, Johansson L, Färnegårdh K, Yngve U, Saleh A, Haraldsson M, D'Hollander ACA, Franco M, Zhao Y, Håkansson M, Walse B, Larsson K, Peat EM, Pelechano V, Lunec J, Vojtesek B, Carmena M, Earnshaw WC, McCarthy AR, Westwood NJ, Arsenian-Henriksson M, Lane DP, Bhatia R, McCormack E, Laín S. A DHODH inhibitor increases p53 synthesis and enhances tumor cell killing by p53 degradation blockage. *Nat Commun.* 2018 Mar 16;9(1):1107.
642. Gómez-Herreros F, Margaritis T, Rodríguez-Galán O, Pelechano V, Begley V, Millán-Zambrano G, Morillo-Huesca M, Muñoz-Centeno MC, Pérez-Ortín JE, de la Cruz J, Holstege FCP, Chávez S. The ribosome assembly gene network is controlled by the feedback regulation of transcription elongation. *Nucleic Acids Res.* 2017 Jun 15. doi: 10.1093/nar/gkx529.
643. Pelechano V, Alepuz P. eIF5A facilitates translation termination globally and promotes the elongation of many non polyproline-specific tripeptide sequences. *Nucleic Acids Res.* 2017 Jul 7;45(12):7326-7338. doi: 10.1093/nar/gkx479.
644. Costanzo M, et al. A global genetic interaction network maps a wiring diagram of cellular function. *Science.* 2016 Sep 23;353(6306).
645. Chen Y, Pai AA, Herudek J, Lubas M, Meola N, Järvelin AI, Andersson R, Pelechano V, Steinmetz LM, Jensen TH, Sandelin A. Principles for RNA metabolism and alternative transcription initiation within closely spaced promoters. *Nat Genet.* 2016 Jul 25.
646. Chlamydas S, Holz J, Samata M, Chelmicki T, Georgiev P, Pelechano V, Dündar F, Dasmeh P, Mittler G, Cadete FT, Ramírez F, Conrad T, Wei W, Raja S, Manke T, Luscombe NM, Steinmetz LM, Akhtar A. Functional interplay between MSL1 and CDK7 controls RNA polymerase II serine 5 phosphorylation. *Nat Struct Mol Biol.* 2016 Jun;23(6):580-9.
647. Adjalley SH, Chabbert CD, Bernd Klaus, Pelechano V, and Steinmetz LM. Landscape and dynamics of transcription initiation in the malaria parasite *Plasmodium falciparum*. *Cell Reports.* 2016 Mar 15;14(10):2463-75.
648. Pelechano V, Wei W, and Steinmetz LM. Genome-wide quantification of 5' phosphorylated mRNA degradation intermediates for analysis of ribosome dynamics. *Nat. Protocols.* 2016 Feb;11(2):359-76.
649. García-Martínez J, Delgado-Ramos L, Ayala G, Pelechano V, Medina D, Carrasco F, González R, Andrés-León E, Steinmetz LM, Warringer J, Chávez S<sup>#</sup> and Pérez-Ortín JE<sup>#</sup>. Growth rate controls overall mRNA turnover and modulates synthesis/decay of specific mRNA regulons. *Nucleic Acids Res.* 2016. Dec 29. pii: gkv1512.
650. Schmid M, Olszewski P, Pelechano V, Gupta I, Steinmetz LM, and Jensen TH. The Nuclear PolyA-Binding Protein Nab2p Is Essential for mRNA Production. *Cell Rep.* 2015 Jun 24.
651. Pelechano V, Wei W, and Steinmetz LM. Widespread co-translational RNA decay reveals *in vivo* ribosome dynamics. *Cell.* 2015 Jun 4;161(6):1400-12.
652. Velten L, Anders S, Pekowska A, Järvelin AI, Huber W, Pelechano V, and Steinmetz LM. Single cell polyadenylation site mapping reveals isoform choice variability. *Mol Syst Biol.* 2015 Jun 3;11(6):812.
653. Chabbert CD, Adjalley SH, Klaus B, Fritsch ES, Gupta I, Pelechano V, and Steinmetz LM<sup>#</sup>. High-throughput ChIP-Seq for large-scale chromatin studies. *Mol Syst Biol.* 2015 Jan 12;11(1):777. (\*co-first authors, #co-corresponding authors)
654. Jordan-Pla A, Gupta I, de Miguel-Jiménez L, Steinmetz LM, Chavez S<sup>#</sup>, Pelechano V, and Pérez-Ortín JE<sup>#</sup>. Chromatin-dependent regulation of RNA polymerases II and III activity throughout the transcription cycle. *Nucleic Acids Res.* 2015 Jan 30;43(2):787-802. (#co-corresponding authors)
655. Pelechano V, Wei W, Jakob P, and Steinmetz LM. Genome-wide identification of transcript start and end sites by Transcript Isoform Sequencing, TIF-Seq. *Nat. Protocols.* 2014 Jun;9(7):1740-59.
656. Piazza I, Rutkowska A, Ori A, Walczak M, Pelechano V, Beck M and Haering CH. Association of condensin with chromosomes depends on a DNA binding domain formed by the HEAT-repeat subunits. *Nat Struct Mol Biol.* 2014 Jun;21(6):560-8.
657. Magraner L, Pelechano V, Coloma MD\*, Tordera V. Dynamic remodelling of histone modifications in response to osmotic stress in *Saccharomyces cerevisiae*. *BMC Genomics.* 2014 Mar 30;15(1):247.
658. Gupta I, Clauder-Münster S, Klaus B, Järvelin AI, Aiyar RS, Benes V, Huber W, Pelechano V<sup>#</sup> and Steinmetz LM<sup>#</sup>. Alternative polyadenylation diversifies post-transcriptional regulation through selective RNA-protein interactions. *Mol Syst Biol.* 2014 Feb 25;10(2):719.

659. Pelechano V. From transcriptional complexity to cellular phenotypes: lessons from yeast. *Yeast*. 2017 Sep 3. doi: 10.1002/yea.3277.
660. Mayte Pérez-Llanos, Juan P. Pinasco, Nicolás Sain-tier y Analía Silva, *SIAM J. Opinion formation model with conviction* *Math. Anal.* 50, no. 5, 4812–4837, 2018.
661. Mihai Mihailescu y Mayte Pérez-Llanos, *Inhomogeneous torsional creep problems in anisotropic Orlicz Sobolev Spaces* *Journal of Mathematical Physics* 59, no. 7, 2018.
662. R. Ferreira y M. Pérez-Llanos ‘A nonlocal operator breaking the Keller-Osserman condition’, *Adv. Nonlinear Stud.* 17 no. 4, 715–725, 2017.
663. R. Ferreira y M. Pérez-Llanos, ‘Limit problems for a  $p$ -Laplacian as  $p \rightarrow \infty$ ’ *Nonlinear Differential Fractional Equations Appl. (NODEA)* 23 no. 2, Art. 14, 28 páginas, 2016.
664. J.M. Mazón, M. Pérez-Llanos, J.D. Rossi y J. Toledo, ‘A nonlocal  $1$ -Laplacian problem and median values’, *Publ. Mat.* 60 no. 1, 27–53, 2016.
665. M. Pérez-Llanos. ‘Optimal power for an elliptic equation related to some Caffarelli-Kohn-Nirenberg inequalities.’ *Commun. Pure Appl. Anal.* 15, no. 6, 1975–2005, 2016.
666. M. Pérez-Llanos y Ana Primo, ‘Semilinear biharmonic problems with a singular term’ *Journal of Differential Equations*, 257 3200-3225, 2014.
667. P. J. Martínez-Aparicio, M. Pérez-Llanos y J. D. Rossi. ‘The eigenvalue problem for the  $1$ -homogeneous  $p$ -laplacian and its limit as  $p \rightarrow \infty$ .’ *Revista Matemática Complutense* 27 241–258, 2014.
668. P. J. Martínez-Aparicio, M. Pérez-Llanos y J. D. Rossi, ‘The sublinear problem for the  $1$ -homogeneous  $p$ -laplacian’ *Proc. Amer. Math. Soc.* 142, no. 8, 2641–2648, 2014.
669. Petermann E. et al. “Hydroxyurea-stalled replication forks become progressively inactivated and require two different RAD51-mediated pathways for restart and repair”. *Molecular Cell*. 492- 502. 2010.
670. Orta ML et al. “The role of the hypermethylating agent Budesonide in the decatenating activity of DNA Topoisomerase II”. *Mutation research fundamental and molecular mechanisms of mutagenesis* Vol: 694. Pág:45-52 2010
671. Calderón-Montaño JM et al. “Bufalin is a steroid receptor coactivator inhibitor-letter”. *CANCER RESEARCH*. 2015 Mar 15;75(6):1156
672. Calderón-Montaño JM et al. “Evaluating the cancer therapeutic potential of cardiac glycosides”. *BIOMED RES INT*. 2014;2014:794930. doi: 10.1155/2014/794930. Epub 2014 May 8. Review.
673. Burgos-Morón E, Pastor N, Orta ML, Jiménez-Alonso JJ, Vega-Holm M, Vega-Pérez JM, Iglesias-Guerra F, Mateos S, López-Lázaro M, Calderón-Montaño JM. Year of publication: 2018, Oct. 30 Selective cytotoxic activity and DNA damage by an epoxyalkyl galactopyranoside. *Journal: Drug Dev Res*.
674. Estefanía Burgos-Morón, José Manuel Calderón-Montaño, Nuria Pastor, Andreas Höglund, Ángel Ruiz-Castizo, Inmaculada Domínguez, Miguel López-Lázaro, Nabil Hajji, Thomas Helleday, Santiago Mateos and Manuel Luis Orta, 2018, Oct 12; 9(80):35069-35084. The Cockayne syndrome protein B is involved in the repair of 5-AZA-2'-deoxycytidine-induced DNA lesions.
675. [Manuel Luis Orta](#), [Nuria Pastor](#), [Estefanía Burgos-Morón](#), Inmaculada Domínguez, [José Manuel Calderón-Montaño](#), [Carlos Huertas Castaño](#) [Miguel López-Lázaro](#), [Thomas Helleday](#) Santiago Mateos 2017. Zebularine induces replication-dependent double-strand breaks which are preferentially repaired by homologous recombination. *Journal: DNA Repair*, 57, 116-124
676. Depuydt J, Baeyens A, Barnard S, Beinke C, Benedek A, Beukes P, Buraczewska I, Darroudi F, De Sanctis S, Dominguez I, Monteiro Gil O, Hadjidekova V, Kis E, Kulka U, Lista F, Lumniczky K, M'kacher R, Moquet J, Obreja D, Oestreicher U, Pajic J, Pastor N, Popova L, Regalbuto E, Ricoul M, Sabatier L, Slabbert J, Sommer S, Testa A, Thierens H, Wojcik A, Vral A. 2017 RENEb intercomparison exercises analyzing micronuclei (Cytokinesis-block Micronucleus Assay).
677. Manuel Luis Orta, Andreas Hoglund, José Manuel Calderón-Montaño, Inmaculada Domínguez, Estefanía Burgos-Morón, Torkild Visnes, Nuria Pastor, Cecilia Strom, Miguel López-Lázaro and Thomas Helleday. 2014 The PARP inhibitor Olaparib disrupts base excision repair of 5-aza-2'-deoxycytidine lesions.
678. Scientific paper. F.J. Romero; I. Pérez-Hurtado; E. Lucas; J.M. Romero; F. Valverde. ChlamyNET: a Chlamydomonas gene co-expression network reveals global properties of the transcriptome and the early setup of key co-expression patterns in the green lineage. *it BMC Genomics*, 17 (227), 2016, 1-28.
679. Colomer-Cugat M.A., Garcia-Quismondo M., Macasú-Ramos L.F., Martínez-del-Amor M.A., Pérez-Hurtado I., Pérez-Jiménez M.J., Riscos-Núñez A., Valencia-Cabrera L. Membrane System-

- Based Models for Specifying Dynamical Population Systems. In: P. Frisco et al (Eds.). Applications of Membrane Computing in Systems and Synthetic Biology. Springer Verlag (series “Emergence, Complexity and Computation” vol. 7), 97-132. 2014. ISBN 978-3-319-03191-0
680. J. Aguilera-Herce, M. García-Quintanilla, R. Romero-Flores, M.J. McConnell, F. Ramos-Morales (2019). A live *Salmonella* vaccine delivering PcrV through the type III secretion system protects against *Pseudomonas aeruginosa*. *mSphere*, 4:e00116-19.
681. J. Bernal-Bayard, F. Ramos-Morales (2018). Molecular mechanisms used by *Salmonella* to evade the immune system. *Curr Issues Mol Biol*, 25:133-168.
682. J. Aguilera-Herce, A. A. Zarkani, A. Schikora, F. Ramos-Morales (2017). Dual expression of the *Salmonella* effector SrfJ in mammalian cells and plants. *Front. Microbiol.*, 8:2410.
683. M. Cordero-Alba, J.J. García-Gómez, J. Aguilera-Herce, F. Ramos-Morales (2016). Proteomic insight into the effects of the *Salmonella* ubiquitin ligase SlrP on host cells. *Biochem Biophys Res Commun*. 472:539-544.
684. F. Baisón-Olmo, M. Galindo-Moreno, F. Ramos-Morales (2015). Host cell type-dependent translocation and PhoP-mediated positive regulation of the effector SseK1 of *Salmonella enterica*. *Front. Microbiol.*, 6:396. IF 2015: 4.165. ES: 0.03622. CiteScore 2015: 4.15 (92%, Q1, D1)
685. S. Zouhir, J. Bernal-Bayard, M. Cordero-Alba, E. Cardenal-Muñoz, B. Guimaraes, N. Lazar, F. Ramos-Morales, S. Nessler (2014). The structure of the SlrP-hTrx1 complex sheds light on the autoinhibition mechanism of the type III secretion system effectors of the NEL family. *Biochem J.*, 464:135-144. IF 2014: 4.396 (Q1). ES: 0.06139. CiteScore 2014: 4.25 (88%, Q1)
686. M. Cordero-Alba, F. Ramos-Morales (2014). Patterns of expression and translocation of the ubiquitin ligase SlrP in *Salmonella enterica* serovar Typhimurium. *J. Bacteriol*, 196:3912-3922.
687. E. Cardenal-Muñoz, G. Gutiérrez, F. Ramos-Morales (2014). Global impact of *Salmonella* type III secretion effector SteA on host cells. *Biochem Biophys Res Commun.*, 449:419-424.
688. H. Peng; J. Wang; M.J. Pérez Jiménez; A. Riscos-Núñez. 2019. Dynamic threshold neural P systems. *Knowledge-Based Systems*, 163 (2019), 875-884.
689. H. Peng; P. Shi; J. Wang; M.J. Pérez Jiménez; A. Riscos-Núñez. 2017. Fault diagnosis of power systems using fuzzy tissue-like P systems. *Integrated Computer-Aided Engineering*, 24, 4 (2017), 401-411.
690. H. Peng; P. Shi; J. Wang; A. Riscos-Núñez; M.J. Pérez Jiménez. 2017. Multiobjective fuzzy clustering approach based on tissue-like membrane systems. *Knowledge-Based Systems*, 125 (2017), 74-82.
691. H. Peng; J. Wang; P. Shi; M.J. Pérez Jiménez; A. Riscos-Núñez. 2016. An extended membrane system with active membranes to solve automatic fuzzy clustering problems. *Int. J. Neur. Syst.* 26, 1650004 (2016) [17 pages].
692. H. Peng; J. Wang; M.J. Pérez Jiménez; A. Riscos-Núñez. 2015. An unsupervised learning algorithm for membrane computing. *Information Sciences*, 304, 80-91.
693. H. Peng; J. Wang; M.J. Pérez Jiménez; A. Riscos-Núñez. 2014. The framework of P systems applied to solve optimal watermarking problem. *Signal processing*, 101, 256-26
694. F. Guillén-González, M. A. Rodríguez-Bellido y D.A. Rueda-Gómez. Title: Unconditionally energy stable fully discrete schemes for a chemo-repulsion model. *Journal: Math. Comp.* 88 (2019), no. 319, 2069–2099. ISSN: 0025-5718
695. C. Amrouche y M. A. Rodríguez-Bellido. Title: Weak solutions for the Oseen system in 2D and when the given velocity is not sufficiently regular. *Journal: Appl. Math. Lett.* 91 (2019), 220–226. ISSN: 0893-9659.
696. B. Ducomet, S. Necasova, M. Pokorny, M. A. Rodríguez-Bellido. Título: Derivation of the Navier–Stokes–Poisson System with Radiation for an Accretion Disk. *Revista: J. Math. Fluid Mech*, 20 (2) (2018), 697-719. ISSN: 1422-6928. Impact factor: 1.532 (2018). DOI: 0.1007/s00021-017-0358-x.
697. M. A. Rodríguez-Bellido, D.A. Rueda-Gómez y E.J. Villamizar-Roa. Título: On a distributed control problem for a coupled Chemotaxis-fluid model. *Revista: Discrete and Continuous Dynamical Systems. Ser.B.* 23(2) (2018), 557-571. ISSN: 1531-3492. Impact factor: 1.008 (2018) DOI: 10.3934/dcdsb.2017208.
698. C. Amrouche y M. A. Rodríguez-Bellido. Título: *The Oseen and Navier-Stokes equations in a non-solenoidal framework*. *Revista: Math. Meth. Appl. Sci.* (2016), 39-17, 5066-5090. DOI: 10.1002/mma.3337 ISSN: 0170-4214.
699. F. Guillén-González, M. A. Rodríguez-Bellido & G. Tierra. Título: *Linear unconditional energy-stable splitting schemes for a phase-field model for Nematic-Isotropic flows with anchoring effects*. DOI: 10.1002/nme.5221 *Revista: International Journal for Numerical Methods in Engineering*,

- 108, Issue 6 (2016), 535-567.
- 700.F. Guillén-González y M. A. Rodríguez-Bellido. Título: *A uniqueness and regularity criterion for Q-tensors models with Neumann boundary conditions*. Revista: *Diff. and Integral Equations*, 28 (2015), no. 5-6, 537-552.
- 701.F. Guillén-González y M. A. Rodríguez-Bellido. Título: *Weak solutions for an initial-boundary Q-tensor problem related to liquid crystals*.
702. F. Guillén-González y M. A. Rodríguez-Bellido. Título: *Weak time regularity and uniqueness for a Q-tensor model*. Revista: *SIAM Journal of Mathematical Analysis* Vol. 46, No. 5. (2014) 3540-3567.
- 703.Martín-Doncel, E., Rojas, AM, Cantarero, L, & Lazo P.A., 2019. To VRK1 functional insufficiency due to alterations in protein stability or kinase activity of human VRK1 pathogenic variants implicated in neuromotor syndromes. 2019 *Scientific Reports*. In press (to be published 16<sup>th</sup> -09).
- 704.Jimenez-Panizo, A., Perez, P., Rojas, A., Fuentes-Prior, P., & Estebanez-Perpiña, ES. Non-canonical dimerization of the androgen receptor and other nuclear receptors: implications for human disease. 2019. *Endocr Relat Cancer*. Jun 1. doi: 10.1530/ERC-19- 0132.
- 705.Fuentes-Prior,P., Rojas, A., Hagler, AT., Estebanez-Perpina,E. 2019 Diversity of Quaternary Structures Regulates Nuclear Receptor Activities. *Trends in Biochemical Sciences* . DOI:10.1016/j.tibs.2018.09.005.
- 706.Andres-Leon and Ana M Rojas. 2019 . miARma-Seq, a comprehensive pipeline for the simultaneous study and integration of miRNA and mRNA expression data. *METHODS* . DOI: 10.1016/j.ymeth.2018.09.002 (1 citation).
- 707.Lopez-Jimenez E, Rojas AM, Andres-Leon E. 2018. RNA sequencing and Prediction Tools for Circular RNAs Analysis. *Adv. Exp Med Biol*. doi: 10.1007/978-981-13-1426-1\_2.
- 708.Silva. J., Aivio, S., Knoble, PA., Casali, A., Vinaixa, M., Garcia-Cao, I., Coyaud, E., Jourdain, AA., Perez-Ferreros, P., Rojas, AM., Antolin-Fontes, A., Samino-Gene, S., Raught, B., Gozalez-Reyes, A., Ribas de Pouplana, L., Doherty, AJ., Yanes, O, & TH Stracker. EXD2 governs germ stem cell homeostasis and lifespan by regulating mitochondrial ribosome assembly, translation and cellular respiration. 2018. *Nature Cell Biology*.
- 709.Andres-Leon,E., Cases,I., Alonso,S. and Rojas, A.M. 2017 Novel miRNA-mRNA interactions conserved in essential cancer pathways. *Scientific Reports* 7:46101.
- 710.Castañeda-Garcia, A; Prieto, A.I., Rodriguez-Beltran, J., Alonso, N., Cantillon, D., Costas. C., Perez-Lago, L., Zegeye, E.D., Herranz, M., Plocinski, P., Tonjum, T., Garcia de Viedma, D., Paget, M, Waddell, S.J., Rojas, A.M., Doherty, A.J., & Blazquez, J\* 2017. A non-canonical mismatch repair pathway in prokaryotes. *Nature communications* 8:14246. (20 cites, Google Scholar)
- 711.Tristán-Clavijo E, G.-Scholl F, Macaya, A, Iglesias G, Rojas AM, Lucas, M, Castellano A, Martínez-Mir, A. 2016 Dominant-negative mutation p.Arg324Thr in KCNA1 impairs Kv1.1 channel function in episodic ataxia. *Movement disorders*. 31:1743-1748.
- 712.Terré B, Piergiovanni G, Segura-Bayona S, Gil-Gómez G, Youssef SA, Otto-Attolini CS, Wilsch-Bräuninger M, Jung C, Rojas AM, Marjanović M, Knobel PA, Palenzuela L, López-Rovira T, Forrow S, Huttner WB, Valverde MA, de Bruin A, Costanzo A, and Stracker TH. 2016. GEMC1 is a critical regulator of multiciliated cell differentiation. *EMBO Journal*.
- 713.Arcas, A., Fernandez-Capetillo, O., Cases, I & Rojas, A.M. Emergence and evolutionary analysis of the human DDR network: implications in comparative genomics and downstream analyses. *Molecular Biology and Evolution*. 2014. 31:940-961.
- 714.Basilico, F.; Maffini, S.; Weir, J.R., Prumbaum, D., Rojas AM., Zimniak, T., Antoni, A., Jeganathan , S., Voss, B., van Gerwen, S., Krenn V., Massimiliano, L., Valencia, A., Vetter, IR., Herzog, F., Raunser, S., Pasqualato , S & Musacchio A. 2014. The Pseudo GTPase CENPM drives human kinetochore assembly. *eLIFE*. 2014;3:e02978.
- 715.Á. Romero-Jiménez y D. Orellana-Martín. «Design patterns for efficient solutions to NP-complete problems in membrane computing». En: *Enjoying Natural Computing. Essays Dedicated to Mario de Jesús Pérez-Jiménez on the Occasion of His 70th Birth- day*. Ed. por C. Graciani, A. Riscos-Núñez, G. Păun, G. Rozenberg y A. Salomaa. Theoretical Computer Science and General Issues 11270. Springer, 2018.
- 716.M. J. Pérez-Jiménez, C. Graciani, D. Orellana-Martín, A. Riscos-Núñez, Á. Romero- Jiménez y L. Valencia-Cabrera. «Fuzzy reasoning spiking neural P systems revisited: A formalization». En: *Theoretical Computer Science* 701 (2017), págs. 216-225.
- 717.Á. Romero-Jiménez, L. Valencia-Cabrera, A. Riscos-Núñez y M. J. Pérez-Jiménez. «Computing Partial Recursive Functions by Virus Machines». En: *Membrane Computing. 16th International Conference on Membrane Computing. CMC 2015 (Valencia, Spain, 17-21 de ago. de 2015)*. Ed. por

- G. Rozenberg, A. Salomaa, J. M. Sempere y C. Zandron. Lecture Notes in Computer Science 9504. Springer, 2015, págs. 353-368.
- 718.D. Orellana-Martín, C. Graciani, L. F. Macías-Ramos, M. Á. Martínez-del-Amor, A. Riscos- Núñez, Á. Romero-Jiménez y L. Valencia-Cabrera. «Sevilla Carpets Revisited: Enriching the Membrane Computing Toolbox». En: *Fundamenta Informaticae* 134.1-2 (2014), págs. 153-166.
- 719.Valverde, F., Groover, A., Romero, J. M., eds. (Electronic Book) Evolution of Gene Regulatory Networks in Plant Development. Lausanne: Frontiers Media. (2018). DOI: 10.3389/978-2-88945-407-5.
- 720.Federico Valverde, Andrew Groover and José M. Romero. Editorial: Evolution of Gene Regulatory Networks in Plant Development. *Frontiers in Plant Science* (2017) Vol 8, Article: 2126. doi:10.3389/fpls.2017.02126
- 721.Pedro De Los Reyes, Francisco J Romero-Campero, M. Teresa Ruiz, José M. Romero and Federico Valverde. Evolution of Daily Gene Co-expression Patterns from Algae to Plants. *Frontiers in Plant Science* (2017) Vol 8, Article: 1217. doi: 10.3389/fpls.2017.01217
- 722.Asier Briones-Moreno, Jorge Hernández-García, Carlos Vargas-Chávez, Francisco J. Romero Campero, José M. Romero, Federico Valverde and Miguel A. Blázquez. Evolutionary Analysis of DELLA-Associated Transcriptional Networks. *Frontiers in Plant Science* (2017) Vol 8, Article 626: 1-11. doi: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00626>
- 723.Gloria Serrano-Bueno, Francisco J Romero-Campero, Eva Lucas-Reina, José M Romero and Federico. Evolution of photoperiod sensing in plants and algae. *Current Opinion in Plant Biology* (2017), 37: 10-17. doi: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2017.03.007>
- 724.Tomás Albi, M. Teresa Ruiz, Pedro de los Reyes, Federico Valverde, José M. Romero. Characterization of the Sucrose Phosphate Phosphatase (SPP) Isoforms from *Arabidopsis thaliana* and Role of the S6PPc Domain in Dimerization. *PLoS ONE* (2016) 11(11) e0166308. doi: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0166308>
- 725.Francisco J. Romero-Campero, Ignacio Perez-Hurtado, Eva Lucas-Reina, Jose M. Romero and Federico Valverde. ChlamyNET: a Chlamydomonas gene co-expression network reveals global properties of the transcriptome and the early setup of key co-expression patterns in the green lineage. *BMC Genomics* (2016) 17:227. doi: 10.1186/s12864-016-2564-y
- 726.M. Isabel Ortiz-Marchena, José M. Romero and Federico Valverde. Photoperiodic control of sugar release during the floral transition. What is the role of sugars in the florigenic signal?. *Plant Signaling and Behavior* (2015) 10: 5, e1017168. doi: 10.1080/15592324.2015.1017168. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26039474>.
- 727.Abdellatif Bahaji, Edurne Baroja-Fernández, Adriana Ricarte-Bermejo, Ángela María Sánchez-López, Francisco José Muñoz, José M. Romero, María Teresa Ruiz, Marouane Baslam, Goizeder Almagro, María Teresa Sesma, Javier Pozueta-Romero. Characterization of multiple SPS knockout mutants reveals redundant functions of the four *Arabidopsis* sucrose phosphate synthase isoforms in plant viability, and strongly indicates that enhanced respiration and accelerated starch turnover can alleviate the blockage of sucrose biosynthesis. *Plant Science* (2015), 238: 135-147. doi:10.1016/j.plantsci.2015.06.009.
- 728.Eva Lucas-Reina, Francisco, J. Romero-Campero, José, M. Romero, and Federico Valverde. An evolutionarily conserved DOF-CONSTANS module controls plant photoperiodic signalling. *Plant Physiology* (2015), 168:2; 561-574. doi:<https://doi.org/10.1104/pp.15.00321>.
- 729.Ortiz-Marchena, M. I., Ruiz, M. T., Valverde, F. and Romero, J. M. Determination of Soluble Sugars in *Arabidopsis thaliana* Leaves by Anion Exchange Chromatography. *Bio-protocol* (2014). 4(23): e1317. <http://www.bio-protocol.org/e1317>.
- 730.Albi, T., Ortiz-Marchena, M. I., Ruiz, M. T., Romero, J. M. and Valverde, F. Purification of Starch Granules from *Arabidopsis* Leaves and Determination of Granule-Bound Starch Synthase Activity. *Bio-protocol* (2014). 4(23): e1316.<http://www.bio-protocol.org/e1316>.
- 731.M. Isabel Ortiz-Marchena, Tomás Albi, Eva Lucas-Reina, Fatima E. Said, Francisco J. Romero-Campero, Beatriz Cano, M. Teresa Ruiz, José M. Romero and Federico Valverde. Photoperiodic control of carbon distribution during the floral transition in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Cell* (2014). Volume 26(2): 565-84
- 732.Coego, Alberto; Brizuela, Esther; Castillejo, Pablo; Ruíz, Sandra; Koncz, Csaba; del Pozo, Carlos; Pineiro, Manuel; Jarrillo, José; Paz Ares, Javier; Leon, Jose and the TRANSPLANTA Consortium. The TRANSPLANTA Collection of *Arabidopsis* Lines: A resource for Functional Analysis of Transcription Factors based on their conditional overexpression. *The Plant Journal* (2014), 77: 944-953.

733. Ahmed, N.; Rubino, S.: Numerical comparisons of finite element stabilized methods for a 2D vortex dynamics simulation at high Reynolds number. *Comput. Methods Appl. Mech. Engrg.*, 349:191-212, 2019.
734. Rubino, S.: An efficient time-splitting approximation of the Navier-Stokes equations with LPS modeling. *Appl. Math. Comput.*, 348:318-337, 2019.
735. Rubino, S.: A streamline derivative POD-ROM for advection-diffusion-reaction equations. *ESAIM Proc. Surveys*, 64:121-136, 2018.
736. Chacón Rebollo, T.; Delgado Ávila, D.; Gómez Mármol, M.; Rubino, S.: Assessment of self-adapting local projection-based solvers for laminar and turbulent industrial flows. *J. Math. Ind.*, 8(3):1-20, 2018.
737. Haferssas, R.; Jolivet, P.; Rubino, S.: Efficient and scalable discretization of the Navier-Stokes equations with LPS modeling. *Comput. Methods Appl. Mech. Engrg.*, 333:371-394, 2018.
738. Chacón Rebollo, T.; Gómez Mármol, M.; Hecht, F.; Rubino, S.; Sánchez Muñoz, I.: A high-order local projection stabilization method for natural convection problems. *J. Sci. Comput.*, 74(2):667-692, 2018.
739. Ahmed, N.; Chacón Rebollo, T.; John, V.; Rubino, S.: Analysis of a full space-time discretization of the Navier-Stokes equations by a local projection stabilization method. *IMA J. Numer. Anal.*, 37(3):1437-1467, 2017.
740. Ahmed, N.; Chacón Rebollo, T.; John, V.; Rubino, S.: A review of variational multiscale methods for the simulation of turbulent incompressible flows. *Arch. Computat. Methods Eng.*, 24(1):115-164, 2017.
741. Chacón Rebollo, T.; Gómez Mármol, M.; Rubino, S.: Numerical analysis of a finite element projection-based VMS turbulence model with wall laws. *Comput. Methods Appl. Mech. Engrg.*, 285:379-405, 2015.
742. Chacón Rebollo, T.; Gómez Mármol, M.; Rubino, S.: Finite element approximation of an unsteady projection-based VMS turbulence model with wall laws. *Lecture Notes in Computational Science and Engineering*, Springer Series: BAIL 2014-Boundary and Interior Layers, Computational and Asymptotic Methods, 108:47-73, 2015.
743. Chacón Rebollo, T.; Gómez Mármol, M.; Rubino, S.: Analysis of numerical stability of algebraic oceanic turbulent mixing layer models. *Appl. Math. Model.*, 38(24):1437-1467, 2014.
744. Chacón Rebollo, T.; Gómez Mármol, M.; Rubino, S.: Numerical approximation of the Smagorinsky turbulence model applied to the primitive equations of the ocean. *Math. Comput. Simulat.*, 99:54-70, 2014.
745. Chacón Rebollo, T.; Gómez Mármol, M.; Rubino, S.: On the existence and asymptotic stability of solutions for unsteady mixing-layer models. *Discrete Contin. Dyn. Syst. Ser. A*, 34(2):421-436, 2014.
746. Brian W Kunkle; et al. Genetic meta-analysis of diagnosed Alzheimer's disease identifies new risk loci and implicates A $\beta$ , tau, immunity and lipid processing. *Nature genetics*. 51 - 3, pp. 414 - 430. 03/2019.
747. Sonia Moreno Grau, .... Agustín Ruiz. Genome-wide association analysis of dementia and its clinical endophenotypes reveal novel loci associated with Alzheimer's disease and three causality networks: The GRACE project. *Alzheimer's & dementia : the journal of the Alzheimer's Association*. 13/08/2019. ISSN 1552-5279. Tipo de producción: Artículo científico. Autor de correspondencia: Si.
748. Eva Díaz Guerra; Elena P Moreno Jiménez; Itziar de Rojas; César Rodríguez; Eva Rodríguez Traver; Esther Arribas González; María Orera; Isabel Hernández; Agustín Ruiz; Carlos Vicario. A collection of four integration-free iPSC lines derived from diagnosed sporadic Alzheimer's disease patients with different APOE alleles. *Stem cell research*. 39, pp. 101522. 08/2019. ISSN 1876-7753. Tipo de producción: Artículo científico.
749. Luke W Bonham et al. Genetic variation across RNA metabolism and cell death gene networks is implicated in the semantic variant of primary progressive aphasia. *Scientific reports*. 9 - 1, pp. 10854. 26/07/2019. ISSN 2045-2322. Tipo de producción: Artículo científico.
750. Luis Miguel Real; Juan Macías; Antonio Rivero Juárez; Francisco Téllez; Dolores Merino; Sonia Moreno Grau; Adelina Orellana; Juan Gómez Salgado; María E Sáez; Mario Frías; Anaïs Corma Gómez; Nicolás Merchant; Agustín Ruiz; Antonio Caruz; Juan A Pineda. Genetic markers of lipid metabolism genes associated with low susceptibility to HCV infection. *Scientific reports*. 9 - 1, pp. 9054. 21/06/2019. ISSN 2045-2322. Tipo de producción: Artículo científico.
751. Marta Marquí; et al. Visual impairment in aging and cognitive decline: experience in a Memory Clinic. *Scientific reports*. 9 - 1, pp. 8698. 18/06/2019. ISSN 2045-2322. Tipo de producción: Artículo científico.

752. Luis M Real; Marta Fernández Fuertes; María E Sáez; Antonio Rivero Juárez; Mario Frías; Francisco Téllez; Jesús Santos; Dolores Merino; Sonia Moreno Grau; Juan Gómez Salgado; Alejandro González Serna; Anais Corma Gómez; Agustín Ruiz; Juan Macías; Juan A Pineda. A genome-wide association study on low susceptibility to hepatitis C virus infection (GEHEP012 study). *Liver international: official journal of the International Association for the Study of the Liver*. 17/06/2019. ISSN 1478-3231. Tipo de producción: Artículo científico.
753. Sven J van der Lee; et al. A nonsynonymous mutation in *PLCG2* reduces the risk of Alzheimer's disease, dementia with Lewy bodies and frontotemporal dementia, and increases the likelihood of longevity. *Acta neuropathologica*. (Alemania): 27/05/2019. ISSN 1432-0533. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista. Posición de firma: 98. Grado de contribución: Autor/a o coautor/a de artículo en revista con comité evaluador de admisión externo. Nº total de autores: 101. Autor de correspondencia: No.
754. Arvid Rongve; et al. GBA and APOE  $\epsilon$ 4 associate with sporadic dementia with Lewy bodies in European genome wide association study. *Scientific reports*. 9 - 1, pp. 7013. 07/05/2019. ISSN 2045-2322.
755. Nicolai Franzmeier; et al. The BDNF[Val66Met] SNP modulates the association between beta-amyloid and hippocampal disconnection in Alzheimer's disease. *Molecular psychiatry*. 21/03/2019. ISSN 1476-5578.
756. M Costa; A Mestre; R Horrillo; A M Ortiz; A Pérez; A Ruiz; M Boada; S Grancha. Cross-Sectional Characterization of Albumin Glycation State in Cerebrospinal Fluid and Plasma from Alzheimer's Disease Patients. *The journal of prevention of Alzheimer's disease*. 6 - 2, pp. 139 - 143. (Suiza): 2019
757. Vivek Swarup; Flora I Hinz; Jessica E Rexach; Ken-ichi Noguchi; Hiroyoshi Toyoshiba; Akira Oda; Keisuke Hirai; Arjun Sarkar; Nicholas T Seyfried; Chialin Cheng; others. Identification of evolutionarily conserved gene networks mediating neurodegenerative dementia. *Nature medicine*. 25 - 1, pp. 152 - 152. Nature Publishing Group, 2019. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
758. V Pérez-Grijalba; J Romero; Pedro Pesini; L Sarasa; I Monleón; I San-José; J Arbizu; P Martínez-Lage; J Munuera; A Ruiz; others. Plasma AB42/40 Ratio Detects Early Stages of Alzheimer's Disease and Correlates with CSF and Neuroimaging Biomarkers in the AB255 Study. *The journal of prevention of Alzheimer's disease*. 6 - 1, pp. 34 - 41. Springer International Publishing, 2019.
759. Ming Zhang; Raffaele Ferrari; Maria Carmela Tartaglia; Julia Keith; Ezequiel I Surace; Uri Wolf; Christine Sato; Mark Grinberg; Yan Liang; Zhengrui Xi; others. A C6orf10/LOC101929163 locus is associated with age of onset in C9orf72 carriers. *Brain*. 141 - 10, pp. 2895 - 2907. Oxford University Press, 2018.
760. Verner Anttila; Brendan Bulik-Sullivan; Hilary K Finucane; Raymond K Walters; Jose Bras; Laramie Duncan; Valentina Escott-Price; Guido J Falcone; Padhraig Gormley; Rainer Malik; others. Analysis of shared heritability in common disorders of the brain. *Science*. 360 - 6395, pp. eaap8757 - eaap8757. American Association for the Advancement of Science, 2018.
761. E Taskesen; A Mishra; S Sluis; R Ferrari; JH Veldink; MA Es; AB Smit; D Posthuma; Y Pijnenburg. Author Correction: Susceptible genes and disease mechanisms identified in frontotemporal dementia and frontotemporal dementia with Amyotrophic Lateral Sclerosis by DNA-methylation and GWAS. *Scientific reports*. 8 - 1, pp. 7789 - 7789. Nature Publishing Group, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
762. Luke W Bonham; Celeste M Karch; Chun C Fan; Chin Tan; Ethan G Geier; Yunpeng Wang; Natalie Wen; Iris J Broce; Yi Li; Matthew J Barkovich; others. CXCR4 involvement in neurodegenerative diseases. *Translational psychiatry*. 8 - 1, pp. 73 - 73. Nature Publishing Group, 2018.
763. Jan Verheijen; Julie van der Zee; Ilse Gijssels; Tobi Van den Bossche; Lubina Dillen; Bavo Heeman; Estrella Gomez-Tortosa; Albert Llado; Raquel Sanchez-Valle; Caroline Graff; others. Common and rare TBK1 variants in early-onset Alzheimer disease in a European cohort. *Neurobiology of aging*. 62, pp. 245 - e1. Elsevier, 2018.
764. Itziar de Rojas; J Romero; O Rodríguez-Gomez; P Pesini; A Sanabria; A Pérez-Cordon; C Abdelnour; I Hernández; M Rosende-Roca; A Mauleón; others. Correlations between plasma and PET beta-amyloid levels in individuals with subjective cognitive decline: the Fundació ACE Healthy Brain Initiative (FACEHBI). *Alzheimers Res Ther*. 10 - 1, pp. 119 - 119. BioMed Central, 2018. Disponible en Internet en: <<https://doi.org/10.1186/s13195-018-0444-1>>. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista. Autor de correspondencia: Si.
765. Ana Espinosa; Begoña Hernández-Olasagarre; Sonia Moreno-Grau; Luca Kleineidam; Stefanie Heilmann-Heimbach; Isabel Hernández; Steffen Wolfsgruber; Holger Wagner; Maitée Rosende-Roca;

- Ana Mauleón; others; Agustín Ruiz. Exploring Genetic Associations of Alzheimer's Disease Loci With Mild Cognitive Impairment Neurocognitive Endophenotypes. *Front Aging Neurosci.* 10, pp. 340 - 340. Frontiers, 2018. Disponible en Internet en: <<https://doi.org/10.3389/fnagi.2018.00340>>. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista. Autor de correspondencia: Si.
766. Sonia Moreno-Grau; Isabel Hernández; Stefanie Heilmann-Heimbach; Susana Ruiz; Maitée Rosende-Roca; Ana Mauleón; Liliana Vargas; Octavio Rodríguez-Gómez; Montserrat Alegret; Ana Espinosa; others. Genome-wide significant risk factors on chromosome 19 and the APOE locus. *Oncotarget.* 9 - 37, pp. 24590 - 24590. Impact Journals, LLC, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista. Autor de correspondencia: Si.
767. Iris Broce; Celeste M Karch; Natalie Wen; Chun C Fan; Yunpeng Wang; Chin Hong Tan; Naomi Kouri; Owen A Ross; G{\'u}nter U H{\'o}glinger; Ulrich Muller; others. Immune-related genetic enrichment in frontotemporal dementia: An analysis of genome-wide association studies. *PLoS medicine.* 15 - 1, pp. e1002487 - e1002487. Public Library of Science, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
768. Montserrat Costa; Raquel Horrillo; Ana María Ortiz; Alba Pérez; Anna Mestre; Agustín Ruiz; Merc{\'e} Boada; Salvador Grancha. Increased Albumin Oxidation in Cerebrospinal Fluid and Plasma from Alzheimer's Disease Patients. *Journal of Alzheimer's Disease.* Preprint, pp. 1 - 10. IOS Press, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
769. Sonia Moreno; Agustín Ruiz. Los genes de la esquizofrenia que protegen del alzhéimer. *Mente y cerebro.* 88, pp. 32 - 35. Prensa Científica, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
770. Brian W Kunkle; Benjamin Grenier-Boley; Rebecca Sims; Joshua C Bis; Adam C Naj; Anne Boland; Maria Vronskaya; Sven J van der Lee; Alex Amlie-Wolf; Celine Bellenguez; others. Meta-analysis of genetic association with diagnosed Alzheimer's disease identifies novel risk loci and implicates Abeta, Tau, immunity and lipid processing. *bioRxiv.* pp. 294629 - 294629. Cold Spring Harbor Laboratory, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista. Autor de correspondencia: Si.
771. Luca Kleineidam; Vincent Chouraki; Thomas Próchnicki; Sven van der Lee; Laura Madrid-Márquez; Holger Wagner-Thelen; Ilker Karaca; Leonie Weinhold; Steffen Wolfsgruber; Anne Boland; others. PLCG2 Protective Variant p. P522R Modulates Tau Pathology and Disease Progression in Patients with Mild Cognitive Impairment. Preprint *Lancet Neurology.* elsevier, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista. Autor de correspondencia: Si.
772. Merc{\'e} Boada; Miguel A Santos-Santos; Octavio Rodríguez-Gómez; Montserrat Alegret; Pilar Cañabate; Asunción Lafuente; Carla Abdelnour; Mar Buendía; María José de Dios; América Morera; others. Patient Engagement: The Fundació ACE Framework for Improving Recruitment and Retention in Alzheimer's Disease Research. *Journal of Alzheimer's Disease.* 62 - 3, pp. 1079 - 1090. IOS Press, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
773. Stéphanie Philtjens; Sara Van Mossevelde; Julie van der Zee; Eline Wauters; Lubina Dillen; Mathieu Vandenbulcke; Rik Vandenberghe; Adrian Ivanoiu; Anne Sieben; Christiana Willems; others. Rare nonsynonymous variants in SORT1 are associated with increased risk for frontotemporal dementia. *Neurobiology of aging.* 66, pp. 181 - e3. Elsevier, 2018.
774. Ana-Maria Lacosta; Maria Pascual-Lucas; Pedro Pesini; Diego Casabona; Virginia Perez-Grijalba; Ivan Marcos-Campos; Leticia Sarasa; Jesus Canudas; Hassnae Badi; Inmaculada Monleon; others. Safety, tolerability and immunogenicity of an active anti-A $\beta$ 40 vaccine (ABvac40) in patients with Alzheimer's disease: a randomised, double-blind, placebo-controlled, phase I trial. *Alzheimer's research & therapy.* 10 - 1, pp. 12 - 12. BioMed Central, 2018.
775. Montserrat Alegret; Mar Peretó; Alba Pérez; Sergi Valero; Ana Espinosa; Gemma Ortega; Isabel Hernández; Ana Mauleón; Maitée Rosende-Roca; Liliana Vargas; others. The Role of Verb Fluency in the Detection of Early Cognitive Impairment in Alzheimer's Disease. *Journal of Alzheimer's Disease.* 62 - 2, pp. 611 - 619. IOS Press, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
776. Angela Sanabria; Montserrat Alegret; Octavio Rodriguez-Gomez; Sergi Valero; Oscar Sotolongo-Grau; Gemma Monté-Rubio; Carla Abdelnour; Ana Espinosa; Gemma Ortega; Alba Perez-Cordon; others. The Spanish version of Face-Name Associative Memory Exam (S-FNAME) performance is related to amyloid burden in Subjective Cognitive Decline. *Scientific reports.* 8 - 1, pp. 3828 - 3828. Nature
777. Domingo Sánchez; Miguel Castilla-Marti; Octavio Rodríguez-Gómez; Sergi Valero; Albert Piferrer; Gabriel Martínez; Joan Martínez; Judit Serra; Sonia Moreno-Grau; Begoña Hernández-Olasagarre; others. Usefulness of peripapillary nerve fiber layer thickness assessed by optical coherence

- tomography as a biomarker for Alzheimer's disease. *Scientific reports*. 8 - 1, pp. 16345 - 16345. Nature Publishing Group, 2018. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
- 778.Scott C Neu; Judy Pa; Walter Kukull; Duane Beekly; Amanda Kuzma; Prabhakaran Gangadharan; Li-San Wang; Klaus Romero; Stephen P Arneric; Alberto Redolfi; others. Apolipoprotein E Genotype and Sex Risk Factors for Alzheimer Disease: A Meta-analysis. *JAMA Neurol*. 2017.
- 779.Ana Espinosa; Montserrat Alegret; Pedro Pesini; Sergi Valero; Asunci{\o}n Lafuente; Mar Buend{\i}a; Itziar San Jos{\e}; Marta Ibarria; Miguel A Tejero; Joan Gim{\e}nez; others. Cognitive Composites Domain Scores Related to Neuroimaging Biomarkers within Probable-Amnestic Mild Cognitive Impairment-Storage Subtype. *Journal of Alzheimer's Disease*. Preprint, pp. 1 - 13. IOS Press, 2017.
- 780.Sonia Moreno--Grau; Octavio Rodriguez-Gomez; angela Sanabria; Alba Perez-Cordon; Domingo Sanchez-Ruiz; Carla Abdelnour; Sergi Valero; Isabel Hernandez; Maitee Rosende-Roca; Ana Mauleon; others; Agustín Ruiz; Mercè Boada. Exploring APOE genotype effects on Alzheimer's disease risk and amyloid beta burden in individuals with subjective cognitive decline: The FundacioACE Healthy Brain Initiative (FACEHBI) study baseline results. *Alzheimers Dement*. 9 - 37, pp. 24590 - 24600. Elsevier, 2017.
- 781.I Hernandez; MV Fernandez; L Tarraga; M Boada; A Ruiz. Frontotemporal Lobar Degeneration. Review and update for clinical neurologists.*Curr Alzheimer Res*. 2017.
- 782.Raffaele Ferrari; Yunpeng Wang; Jana Vandrovцова; Sebastian Guelfi; Aree Witeolar; Celeste M Karch; Andrew J Schork; Chun C Fan; James B Brewer; Parastoo Momeni; others. Genetic architecture of sporadic frontotemporal dementia and overlap with Alzheimer's and Parkinson's diseases. *J Neurol Neurosurg Psychiatry*. 88 - 2, pp. 152 -164. BMJ Publishing Group Ltd, 2017. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
- 783.Mary Ann A DeMichele-Sweet; Elise A Weamer; Lambertus Klei; Dylan T Vrana; DJ Hollingshead; Howard J Seltman; Rebecca Sims; Tatiana Foroud; Isabel Hernandez; Sonia Moreno-Grau; others. Genetic risk for schizophrenia and psychosis in Alzheimer disease. *Mol Psychiatr*. Nature Publishing Group, 2017. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
- 784.A Lacour; A Espinosa; E Louwersheimer; S Heilmann; I Hernandez; S Wolfsgruber; V Fernandez; H Wagner; M Rosende-Roca; A Mauleon; others; Agustín Ruiz. Genome-wide significant risk factors for Alzheimer's disease: role in progression to dementia due to Alzheimer's disease among subjects with mild cognitive impairment. *Mol Psychiatr*. 22 - 1, pp. 153 - 153. Nature Publishing Group, 2017.
- 785.Carla Abdelnour Ruiz; et al. Impact of Recruitment Methods in Subjective Cognitive Decline. *Journal of Alzheimer's Disease*. Preprint, pp. 1 - 8. IOS Press, 2017.
- 786.Rebecca Sims; Sven J Van Der Lee; Adam C Naj; Celine Bellenguez; Nandini Badarinarayan; Johanna Jakobsdottir; Brian W Kunkle; Anne Boland; Rachel Raybould; Joshua C Bis; others. Rare coding variants in PLCG2, ABI3, and TREM2 implicate microglial-mediated innate immunity in Alzheimer's disease. *Nat Genet*. 49 - 9, pp. 1373 - 1373. Nature Publishing Group, 2017.
- 787.Pilar Ca{\n}abate; Gabriel Mart{\i}nez; Mait{\e}e Rosende-Roca; Mariola Moreno; Silvia Preckler; Sergi Valero; Oscar Sotolongo; Isabel Hern{\a}ndez; Montserrat Alegret; Gemma Ortega; others. Social Representation of Dementia: An Analysis of 5,792 Consecutive Cases Evaluated in a Memory Clinic. *Journal of Alzheimer's Disease*. Preprint, pp. 1 - 10. IOS Press, 2017.
- 788.E Taskesen; A Mishra; S Sluis; R Ferrari; JH Veldink; MA Es; AB Smit; D Posthuma; Y Pijnenburg. Susceptible genes and disease mechanisms identified in frontotemporal dementia and frontotemporal dementia with Amyotrophic Lateral Sclerosis by DNA-methylation and GWAS. *Scientific reports*. 7 - 1, pp. 8899 - 8899. Nature Publishing Group, 2017.
- 789.Julie der Zee; Ilse Gijssels; Sara Mossevelde; Federica Perrone; Lubina Dillen; Bavo Heeman; Veerle B{\a}umer; Sebastiaan Engelborghs; Jan Bleecker; Jonathan Baets; others. TBK1 mutation spectrum in an extended European patient cohort with frontotemporal dementia and amyotrophic lateral sclerosis. *Human mutation*. 38 - 3, pp. 297 - 309. 2017.
- 790.Andreea Ciudin; Ana Espinosa; Olga Simo-Servat; Agustin Ruiz; Montserrat Alegret; Cristina Hernandez; Merce Boada; Rafael Simo. Type 2 diabetes is an independent risk factor for dementia conversion in patients with mild cognitive impairment. *Journal of Diabetes and its Complications*. Elsevier, 2017. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
- 791.Marta Ibarria; Montserrat et al. Beneficial Effects of an Integrated Psychostimulation Program in Patients with Alzheimer's Disease.*Journal of Alzheimer's disease: JAD*. 50 - 2, pp. 559 - 66. 01/2016.
- 792.Gyungah Jun; Carla A Ibrahim-Verbaas; Maria Vronskaya; Jean-Charles Lambert; Jaeyoon Chung; Adam C Naj; Brian W Kunkle; Li-San Wang; Joshua C Bis; Celine Bellenguez; others. A novel Alzheimer disease locus located near the gene encoding tau protein. *Molecular psychiatry*. 21 - 1, pp.

- 108 - 108. Nature Publishing Group, 2016.
793. Eva Louwersheimer; Steffen Wolfsgruber; Ana Espinosa; Andre Lacour; Stefanie Heilmann-Heimbach; Montserrat Alegret; Isabel Hernandez; Maitee Rosende-Roca; Lluís Tarraga; Merc Boada; others. Alzheimer's disease risk variants modulate endophenotypes in mild cognitive impairment. *Alzheimers Dement.* 12 - 8, pp. 872 - 881. Elsevier, 2016.
794. Oriol Dols-Icardo; Oriol Iborra; Jessica Valdivia; Pau Pastor; Agustín Ruiz; Adolfo López de Munain; Raquel Sánchez-Valle; Victoria Álvarez; Pascual Sánchez-Juan; Alberto Lleo; others. Assessing the role of TUBA4A gene in frontotemporal degeneration. *Neurobiology of aging.* 38, pp. 215 - e13. Elsevier, 2016. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
795. Rodríguez-Gómez; A Sanabria; A Pérez-Cordon; D Sánchez-Ruiz; C Abdelnour; S Valero; I Hernández; M Rosende-Roca; A Mauleon; L Vargas; others. FACEHBI: A prospective study of risk factors, biomarkers and cognition in a cohort of individuals with subjective cognitive decline. Study rationale and research protocols. *Jpad.* 2016. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
796. S Moreno-Grau; A Ruiz. Genome research in pre-dementia stages of Alzheimer's disease. *Expert Rev Mol Med.* 18, pp. e11 - e11. 2016. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista. Autor de correspondencia: Si.
797. Pau Pastor; Fermin Moreno; Jordi Clarimon; Agustín Ruiz; Onofre Combarros; Miguel Calero; Adolfo López de Munain; María J Bullido; Marian M de Pancorbo; Eva Carro; others. MAPT H1 Haplotype is Associated with Late-Onset Alzheimer's Disease Risk in APOE  $\epsilon$ 4 Noncarriers: Results from the Dementia Genetics Spanish Consortium. *Journal of Alzheimer's Disease.* 49 - 2, pp. 343 - 352. IOS Press, 2016.
798. Matthew Traylor; Poneh Adib-Samii; Denise Harold; Martin Dichgans; Julie Williams; Cathryn M Lewis; Hugh S Markus. Shared genetic contribution to ischemic stroke and Alzheimer's disease. *Annals of neurology.* 79 - 5, pp. 739 - 747. Wiley Online Library, 2016.
799. Caty Carrera; Jordi Jimenez-Conde; Sophia Derdak; Kelly Rabionet; Cristófol Vives-Bauza; Carolina Soriano-Tarrega; Eva Giralt-Steinhauer; Marina Mola-Caminal; Rosa M Diaz-Navarro; Silvia Tur; others. Whole exome sequencing analysis reveals TRPV3 as a risk factor for cardioembolic stroke/subtitle. *Thrombosis and haemostasis.* 116 - 12, pp. 1165 - 1771. Schattauer Publishers, 2016.
800. Stefanie Heilmann; Dmitriy Drichel; Jordi Clarimon; Victoria Fernández; Andre Lacour; Holger Wagner; Mathias Thelen; Isabel Hernandez; Juan Fortea; Montserrat Alegret; Rafael Blesa; Ana Mauleon; Maitee Rosende Roca; Johannes Kornhuber; Oliver Peters; Reinhard Heun; Lutz Frolich; Michael Hull; Michael T Heneka; Eckart Ruther; Steffi Riedel-Heller; Martin Scherer; Jens Wiltfang; Frank Jessen; Tim Becker; Lluís Tarraga; Merce Boada; Wolfgang Maier; Alberto Lleo; Agustín Ruiz; Markus M Nothen; Alfredo Ramirez. PLD3 in non-familial Alzheimer's disease. *Nature.* 520 - 7545, pp. E3 - 5. Nature Publishing Group, 04/2015. ISSN 1476-4687.
801. Enriqueta Tristan-Clavijo; Rafael J Camacho-García; Estefanía Robles-Lanuza; Agustín Ruiz; Julie van der Zee; Christine Van Broeckhoven; Isabel Hernandez; Amalia Martínez-Mir; Francisco G Scholl. A truncating mutation in Alzheimer's disease inactivates neuroligin-1 synaptic function. *Neurobiology of aging.* 36 - 12, pp. 3171 - 3175. Elsevier, 2015.
802. Virginia Pérez-Grijalba; Pedro Pesini; José Antonio Allue; Leticia Sarasa; María Montanes; Ana-Maria Lacosta; Diego Casabona; Itziar San-José; Merce Boada; Lluís Tarraga; Agustín Ruiz; Manuel Sarasa. Abeta1-17 is a major amyloid-beta fragment isoform in cerebrospinal fluid and blood with possible diagnostic value in Alzheimer's disease. *Journal of Alzheimer's disease : JAD.* 43 - 1, pp. 47 - 56. 2015.
803. Oriol Dols-Icardo; Irene Nebot; Ana Gorostidi; Sara Ortega-Cubero; Isabel Hernandez; Ricard Rojas-García; Alberto García-Redondo; Monica Povedano; Albert Llado; Victoria Álvarez; others. Analysis of the CHCHD10 gene in patients with frontotemporal dementia and amyotrophic lateral sclerosis from Spain. *Brain.* 138 - 12, pp. e400 - e400. Oxford University Press, 2015.
804. Isabel Hernandez; Maitee Rosende-Roca; Montserrat Alegret; Ana Mauleon; Ana Espinosa; Liliانا Vargas; Oscar Sotolongo-Grau; Lluís Tarraga; Merc Boada; Agustín Ruiz. Association of TMEM106B rs1990622 marker and frontotemporal dementia: evidence for a recessive effect and meta-analysis. *Journal of Alzheimer's Disease.* 43 - 1, pp. 325 - 334. IOS Press, 2015.
805. Montserrat Alegret; Octavio Rodríguez; Ana Espinosa; Gemma Ortega; Angela Sanabria; Sergi Valero; Isabel Hernandez; Maitee Rosende-Roca; Lilianna Vargas; Carla Abdelnour; others. Concordance between subjective and objective memory impairment in volunteer subjects. *Journal of Alzheimer's Disease.* 48 - 4, pp. 1109 - 1117. IOS Press, 2015.
806. Lesley Jones; Jean-Charles Lambert; Li-San Wang; Seung-Hoan Choi; Denise Harold; Alexey

- Vedernikov; Valentina Escott-Price; Timothy Stone; Alexander Richards; Celine Bellenguez; others. Convergent genetic and expression data implicate immunity in Alzheimer's disease. *Alzheimer's & dementia: the journal of the Alzheimer's Association*. 11 - 6, pp. 658 - 671. Elsevier, 2015.
807. Sonia Moreno-Grau; Bruna Barneda; Paulina Carriba; Juan Marin; Oscar Sotolongo-Grau; Isabel Hernandez; Maitee Rosende-Roca; Ana Mauleon; Liliana Vargas; Ana Espinosa; others. Evaluation of candidate genes related to neuronal apoptosis in late-onset Alzheimer's disease. *Journal of Alzheimer's Disease*. 45 - 2, pp. 621 - 629. IOS Press, 2015.
808. Elise Cuyvers; Julie van der Zee; Karolien Bettens; Sebastiaan Engelborghs; Mathieu Vandenbulcke; Caroline Robberecht; Lubina Dillen; Celine Merlin; Nathalie Geerts; Caroline Graff; others. Genetic variability in SQSTM1 and risk of early-onset Alzheimer dementia: a European early-onset dementia consortium study. *Neurobiology of aging*. 36 - 5, pp. 2005 - e15. Elsevier, 2015.
809. Rahul S Desikan; Andrew J Schork; Yunpeng Wang; Wesley K Thompson; Abbas Dehghan; Paul M Ridker; Daniel I Chasman; Linda K McEvoy; Dominic Holland; Chi-Hua Chen; others. Polygenic Overlap Between C-Reactive Protein, Plasma Lipids, and Alzheimer Disease. *CLINICAL PERSPECTIVE*. *Circulation*. 131 - 23, pp. 2061 - 2069. Am Heart Assoc, 2015.
810. Montserrat Alegret; Sergi Valero; Gemma Ortega; Ana Espinosa; Angela Sanabria; Isabel Hernandez; Octavio Rodriguez; Maitee Rosende-Roca; Ana Mauleon; Liliana Vargas; others. Validation of the Spanish version of the Face Name Associative Memory Exam (S-FNAME) in cognitively normal older individuals. *Archives of Clinical Neuropsychology*. 30 - 7, pp. 712 - 720. Oxford University Press, 2015.
811. Mercè Boada; Lluís Tárraga; Isabel Hernández; Sergi Valero; Montserrat Alegret; Agustín Ruiz; Oscar L Lopez; James T Becker. Design of a comprehensive Alzheimer's disease clinic and research center in Spain to meet critical patient and family needs. *Alzheimer's & dementia : the journal of the Alzheimer's Association*. 10 - 3, pp. 409 - 15. Elsevier, 05/2014.
812. José Santiago García-Cremades; Angel del Río; José A García; Javier Gayán; Antonio González-Pérez; Agustín Ruiz; Oscar Sotolongo-Grau; Manuel Ruiz-Marín. Approaching allelic probabilities and Genome-Wide Association Studies from beta distributions. *arXiv preprint arXiv:1402.6151*. pp. 24 - 24. 02/2014.
813. A Ruiz; S Heilmann; T Becker; I Hernández; H Wagner; M Thelen; A Mauleón; M Rosende-Roca; C Bellenguez; J C Bis; D Harold; A Gerrish; R Sims; O Sotolongo-Grau; A Espinosa; M Alegret; J L Arrieta; A Lacour; M Leber; J Becker; A Lafuente; S Ruiz; L Vargas; O Rodríguez; G Ortega; M-A Dominguez; R Mayeux; J L Haines; M A Pericak-Vance; L A Farrer; G D Schellenberg; V Chouraki; L J Launer; C van Duijn; S Seshadri; C Antúnez; M M Breteler; M Serrano-Ríos; F Jessen; L Tárraga; M M Nöthen; W Maier; M Boada; A Ramírez. Follow-up of loci from the International Genomics of Alzheimer's Disease Project identifies TRIP4 as a novel susceptibility gene. *Transl Psychiatry*. 4, pp. e358 - e358. 01/2014.
814. Luis M Real; Agustín Ruiz; Javier Gayán; Antonio Gonzalez-Perez; Maria E Saez; Reposo Ramirez-Lorca; Francisco J Moron; Juan Velasco; Ruth Marginet-Flinch; Eva Musulen; others. A colorectal cancer susceptibility new variant at 4q26 in the Spanish population identified by genome-wide association analysis. *PloS one*. 9 - 6, pp. e101178 - e101178.
815. Mercè Boada; C Antunez; R Ramirez-Lorca; AL DeStefano; A Gonzalez-Perez; J Gayan; J Lopez-Arrieta; MA Ikram; Isabel Hernandez; J Marin; others; Agustín Ruiz. ATP5H/KCTD2 locus is associated with Alzheimer's disease risk. *Mol Psychiatr*. 19 - 6, pp. 682 - 682. Nature Publishing Group, 2014.
816. Agustín Ruiz; Oriol Dols-Icardo; Maria J Bullido; Pau Pastor; Eloy Rodriguez-Rodriguez; Adolfo Lopez de Munain; Marian M de Pancorbo; Jordi Perez-Tur; Victoria alvarez; Anna Antonell; others. Assessing the role of the TREM2 p. R47H variant as a risk factor for Alzheimer's disease and frontotemporal dementia. *Neurobiol Aging*. 35 - 2, pp. 444 - e1. Elsevier, 2014.
817. Oscar Sotolongo-Grau; Pedro Pesini; Sergi Valero; Asuncion Lafuente; Mar Buendia; Virginia Perez-Grijalba; Itziar San Jose; Marta Ibarria; Miguel A Tejero; Joan Gimenez; others. Association between cell-bound blood amyloid- $\beta$  (1-40) levels and hippocampus volume. *Alzheimer's research & therapy*. 6 - 5, pp. 56 - 56. BioMed Central, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista. Autor de correspondencia: Si
818. Montserrat Alegret; Gemma Cuberas-Borros; Ana Espinosa; Sergi Valero; Isabel Hernandez; Agustín Ruiz; James T Becker; Maitee Rosende-Roca; Ana Mauleon; Oscar Sotolongo; others. Cognitive, genetic, and brain perfusion factors associated with four year incidence of Alzheimer's disease from mild cognitive impairment. *Journal of Alzheimer's Disease*. 41 - 3, pp. 739 - 748.
819. Agustín Ruiz; Pedro Pesini; Ana Espinosa; Virginia Perez-Grijalba; Sergi Valero; Oscar Sotolongo-

- Grau; Montserrat Alegret; Inmaculada Monleon; Asuncion Lafuente; Mar Buendia; others. Correction: Blood Amyloid Beta Levels in Healthy, Mild Cognitive Impairment and Alzheimer's Disease Individuals: Replication of Diastolic Blood Pressure Correlations and Analysis of Critical Covariates. PloS one. 9 - 1, Public Library of Science, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
820. Montserrat Alegret; Ana Espinosa; Sergi Valero; Georgina Vinyes-Junque; Agustin Ruiz; Isabel Hernandez; Maitee Rosende-Roca; Ana Mauleon; James T Becker; Lluís Tarraga; others. Correction: Cut-off Scores of a Brief Neuropsychological Battery (NBACE) for Spanish Individual Adults Older than 44 Years Old. PloS one. 9 - 1, Public Library of Science, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
821. Agustin Ruiz; Isabel Hernandez; Maitee Rosende-Roca; Antonio Gonzalez-Perez; Emma Rodriguez-Noriega; Reposo Ramirez-Lorca; Ana Mauleon; Concha Moreno-Rey; Lucie Boswell; Larry Tune; others. Erratum to "Exploratory analysis of seven Alzheimer's disease genes: disease progression"[Neurobiol. Aging 34 (2013) 1310. e1--1310. e7]. Neurobiology of aging. 35 - 11, pp. 2661 - 2661. Elsevier, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista
822. Raffaele Ferrari; Dena G Hernandez; Michael A Nalls; Jonathan D Rohrer; Adaikalavan Ramasamy; John BJ Kwok; Carol Dobson-Stone; William S Brooks; Peter R Schofield; Glenda M Halliday; others. Frontotemporal dementia and its subtypes: a genome-wide association study. The Lancet Neurology. 13 - 7, pp. 686 - 699. Elsevier, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
823. Valentina Escott-Price; Celine Bellenguez; Li-San Wang; Seung-Hoan Choi; Denise Harold; Lesley Jones; Peter Holmans; Amy Gerrish; Alexey Vedernikov; Alexander Richards; others. Gene-wide analysis detects two new susceptibility genes for Alzheimer's disease. PloS one. 9 - 6, pp. e94661 - e94661. Public Library of Science, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
824. Isabel Hernandez; Ana Mauleon; Maitee Rosense-Roca; Montserrat Alegret; Georgina Vinyes; Anna Espinosa; Oscar Sotolongo-Grau; James T Becker; Sergi Valero; Lluís Tarraga; others. Identification of misdiagnosed fronto-temporal dementia using APOE genotype and phenotype-genotype correlation analyses. Current Alzheimer research. 11 - 2, pp. 182 - 191. Bentham Science Publishers, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
825. Mathias Thelen; Cristina Razquin; Isabel Hernandez; Ana Gorostidi; Raquel Sánchez-Valle; Sara Ortega-Cubero; Steffen Wolfsgruber; Dmitriy Drichel; Klaus Fliessbach; Tanja Duenkel; others. Investigation of the role of rare TREM2 variants in frontotemporal dementia subtypes. Neurobiology of Aging. Elsevier, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
826. Octavio Rodriguez-Gomez; M Eugenia Palacio-Lacambra; Antoni Palasi; Agustin Ruiz-Laza; Merc Boada-Rovira. Prevention of Alzheimer's disease: a global challenge for next generation neuroscientists. Journal of Alzheimer's Disease. 42 - s4, pp. S515 - S523. IOS press, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
827. Julie Van Der Zee; Tim Van Langenhove; Gabor G Kovacs; Lubina Dillen; William Deschamps; Sebastiaan Engelborghs; Radoslav Matijevic; Mathieu Vandenbulcke; Anne Sieben; Bart Dermaut; others. Rare mutations in SQSTM1 modify susceptibility to frontotemporal lobar degeneration. Acta neuropathologica. 128 - 3, pp. 397 - 410. Springer Berlin Heidelberg, 2014. Tipo de producción: Artículo científico. Tipo de soporte: Revista.
828. J C Lambert; et al. Meta-analysis of 74,046 individuals identifies 11 new susceptibility loci for Alzheimer's disease. Nature genetics. 45 - 12, pp. 1452 - 8.
829. López-López, M., Fernández-Delgado, A., Moyá, M. L., Blanco-Arévalo, D., Carrera, C., de la Haba, R. R., Ventosa, A., Bernal, E. and López-Cornejo, P. (2019). Optimized preparation of Levofloxacin loaded polymeric nanoparticles. *Pharmaceutics* 11: pii: E57.
830. Corral, P., de la Haba, R. R., Infante-Domínguez, C., Sánchez-Porro, C., Amoozegar, M. A., Papke, R. T. and Ventosa, A. (2018). *Halorubrum chaoviator* Mancinelli *et al.* 2009 is a later, heterotypic synonym of *Halorubrum ezzemoulense* Kharroub *et al.* 2006. Emended description of *Halorubrum ezzemoulense* Kharroub *et al.* 2006. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 68: 3657-3665.
831. de la Haba, R. R., Corral, P., Sánchez-Porro, C., Infante-Domínguez, C., Makkay, A. M., Amoozegar, M. A., Ventosa, A. and Papke, R. T. (2018). Genotypic and lipid analyses of strains from the archaeal genus *Halorubrum* reveal insights into their taxonomy, divergence, and population structure. *Front. Microbiol.* 9: 512.
832. López-Hermoso, C., de la Haba, R. R., Sánchez-Porro, C. and Ventosa, A. (2018). Emended description of *Salinivibrio proteolyticus*, including *Salinivibrio costicola* subsp. *vallismortis* and five

- new isolates. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 68: 1599-1607.
833. López-Hermoso, C., de la Haba, R. R., Sánchez-Porro, C. and Ventosa, A. (2018). *Salinivibrio kushneri* sp. nov., a moderately halophilic bacterium isolated from salterns. *Syst. Appl. Microbiol.* (en prensa). doi: 10.1016/j.syapm.2017.12.001
834. López-Hermoso, C., de la Haba, R. R., Sánchez-Porro, C., Papke, R. T. and Ventosa A. (2017). Assessment of MultiLocus Sequence Analysis as a valuable tool for the classification of the genus *Salinivibrio*. *Front. Microbiol.* 8: 1107.
835. López-Hermoso, C., de la Haba, R. R., Sánchez-Porro, C., Bayliss, S. C., Feil, E. J. and Ventosa, A. (2017). Draft genome sequences of *Salinivibrio proteolyticus*, *Salinivibrio sharmensis*, *Salinivibrio siamensis*, *Salinivibrio costicola* subsp. *alcaliphilus*, *Salinivibrio costicola* subsp. *vallismortis*, and 29 new isolates belonging to the genus *Salinivibrio*. *Genome Announc.* 5: pii: e00244-17.
836. Alonso-Carmona, S., Vera-Gargallo, B., de la Haba, R. R., Ventosa, A., Sandoval-Trujillo, H. and Ramírez-Durán, N. (2017). Draft genome sequence of *Saccharomonospora* sp. strain LRS4.154, a moderately halophilic actinobacterium with the biotechnologically relevant polyketide synthase and nonribosomal peptide synthetase systems. (2017). *Genome Announc.* 5: pii: e00392-17.
837. Amoozegar, M. A., Khansha, J., Mehrshad, M., Shahzadeh Fazeli, S. A., Ramezani, M., de la Haba, R. R., Sánchez-Porro, C. and Ventosa, A. (2017). *Soortia roseihalophila* gen. nov., sp. nov., a new taxon isolated from a travertine spring in the order *Balneolales* and description of *Soortiaceae* fam. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 67: 113-120.
838. Corral, P., de la Haba, R. R., Sánchez-Porro, C., Amoozegar, M. A., Papke, R. T. and Ventosa, A. (2015). *Halorubrum halodurans* sp. nov., an extremely halophilic archaeon isolated from a hypersaline lake. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 66: 435-444.
839. Lake, J. A., Larsen, J., Sarna, B., de la Haba, R. R., Pu, Y., Koo, H., Zhao, J. and Sinsheimer, J. S. (2015). Rings reconcile genotypic and phenotypic evolution within the *Proteobacteria*. *Genome Biol. Evol.* 7: 3434-3442.
840. Tirandaz, H., Dastgheib, S. M., Amoozegar, M. A., Shavandi, M., de la Haba, R. R. and Ventosa, A. (2015). *Pseudorhodoplanes sinuspersici* gen. nov., sp. nov., isolated from oil-contaminated soil. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 65: 4743-4748.
841. Nikou, M. M., Ramezani, M., Amoozegar, M. A., Rasouli, M., Fazeli, S. A., Schumann, P., de la Haba, R. R. and Ventosa, A. (2015). *Salininema proteolyticum* gen. nov., sp. nov., a halophilic rare actinomycete isolated from wetland soil, and emended description of the family *Glycomycetaceae*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 65: 3727-3733.
842. Ventosa, A., de la Haba, R. R., Sánchez-Porro, C. and Papke, R. T. (2015). Microbial diversity of hypersaline environments: a metagenomic approach. *Curr. Opin. Microbiol.* 25: 80-87.
843. Corral, P., de la Haba, R. R., Sanchez-Porro, C., Amoozegar, M. A., Papke, R. T. and Ventosa, A. (2015). *Halorubrum persicum* sp nov., an extremely halophilic archaeon isolated from sediment of a hypersaline lake. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 65: 1770-1778.
844. Papke, R. T., Corral, P., Ram-Mohan, N., de la Haba, R. R., Sanchez-Porro, C., Makkay, A. and Ventosa, A. (2015). Horizontal gene transfer, dispersal and haloarchaeal speciation. *Life (Basel)* 5: 1405-1426.
845. León, M. J., Sánchez-Porro, C., de la Haba, R. R., Llamas, I and Ventosa, A. (2014). *Larsenia salina* gen. nov., sp. nov., a new member of the family *Halomonadaceae* based on multilocus sequence analysis. *Syst. Appl. Microbiol.* 37: 480-487.
846. Martín, V. I., de la Haba, R. R., Ventosa, A., Congiu, E., Ortega-Calvo, J. J. and Moyá, M. L. (2014). Colloidal and biological properties of cationic single-chain and dimeric surfactants. *Colloids Surf. B Biointerfaces* 114: 247-254.
847. "Using Abstract Stobjs in ACL2 to Compute Matrix Normal Forms". L. Lambán, F.J. Martín Mateos, J. Rubio, J.L. Ruiz-Reina. *Interactive Theorem Proving - ITP 2017*. LNCS 10499, 354--370, Springer, 2017.
848. "Formally Verified Tableau-Based Reasoners for a Description Logic". M.J. Hidalgo, J.A. Alonso, J. Borrego, F.J. Martín Mateos, J.L. Ruiz-Reina. *Journal of Automated Reasoning (ISSN 0168-7433)* 52:3, 331--360, Springer, 2014.
849. "Verifying the Bridge between Simplicial Topology and Algebra: the Eilenberg–Zilber Algorithm". L. Lambán, J. Rubio, F.J. Martín Mateos, J.L. Ruiz-Reina. *Logic Journal of the IGPL (ISSN 1367-0751)* 22:1, 39--65, Oxford University Press, 2014.
850. Sánchez-Pla, Alex., Salicrú, Miquel, Ocaña, Jordi. (2019) An equivalence approach to the integrative analysis of feature lists. *BMC Bioinformatics*, 20. 441 (2019)
851. Marco-Ramell, A; et al. 2018. Evaluation and comparison of bioinformatic tools for the enrichment

- analysis of metabolomics data 912879 - BMCBioinformatics. BioMed Central. 19-1. ISSN 1471-2105.
852. Marco-Ramell, A.; et al. (11/7). 2018. Untargeted profiling of concordant/discordant phenotypes of high insulin resistance and obesity to predict the risk of developing diabetes 911985 - Journal of Proteome Research. American Chemical Society. 17-7, pp.2307-2317. ISSN 1535-3893.
853. Fissolo, Nicolas; et al. (25/). 2017. Matrix Metalloproteinase 9 Is Decreased in Natalizumab-Treated Multiple Sclerosis Patients at Risk for Progressive Multifocal Leukoencephalopathy 905826 - Annals of Neurology. Wiley-Liss. 82-2, pp.186-195. ISSN 0364-5134.
854. Navarro, A.; et al. 2017. Improved classification of leukemic B-cell lymphoproliferative disorders using a transcriptional and genetic classifier 901800 - Haematologica. Ferrata Storti Foundation. 102-9. ISSN 0390-6078.
855. Tulipani, S.; et al. (11/9). 2016. Biomarkers of Morbid Obesity and Prediabetes by Metabolomic Profiling of Human Discordant Phenotypes 905811 - Clinica Chimica Acta. Elsevier B.V.. 463, pp.53-61. ISSN 0009-8981.2
856. Aso, E.; et al. (5/2). 2015. Cannabis-based medicine reduces multiple pathological processes in A $\beta$ 1 mice 913424 - Journal of PP/PS1 mice 913424 - Journal of Alzheimer's Disease. IOS Press. 3-43, pp.977-991. ISSN 1387-2877.
857. Bazzocco S.; et al. 2015. Highly Expressed Genes in Rapidly Proliferating Tumor Cells as New Targets for Colorectal Cancer Treatment 908873 - Clinical Cancer Research. American Association for Cancer Research. ISSN 1078-0432.
858. Alba Navarro; et al. (21/18). 2015. Gene Expression Profiling Signatures Allow the Identification of Unclassifiable Leukemic B-Cell Lymphoid Neoplasms 901786 - Blood. American Society of Hematology. 125-23, pp.3902. ISSN 0006-4971.
859. Gregori J.; et al. 2014. Inference with viral quasispecies diversity indices: clonal and NGS approaches 909790 - Bioinformatics. Oxford University Press. 30-8, pp.1104-1111. ISSN 1367-4803.
860. Silvia Rodríguez-Fernández; et al. (8/13). 2018. Phosphatidylserine- Liposomes promote tolerogenic features on dendritic cells in human type 1 diabetes by apoptotic mimicry 918261 - Frontiers in Immunology. Frontiers Media. ISSN 1664-3224.
861. D. Cabrera; F. Sancho Caparrini; J. Long; R-V. Sánchez; S. Zhang; M. Cerrada; C. Li. Generative Adversarial Networks Selection Approach for Extremely Imbalanced Fault Diagnosis of Reciprocating Machinery. IEEE Access. Diciembre, 2019. Vol. 7, Issue 1. Pags 70643-70653. Print ISSN: 2169-3536. Online ISSN: 2169-3536.
862. D. Cabrera; F. Sancho Caparrini; M. Cerrada; R-V. Sánchez. Knowledge Extraction from Deep Convolutional Neural Networks Applied to Time-Series Classification. Submitted
863. D. Cabrera; F. Sancho Caparrini; F. Tobar; M. Cerrada; R-V. Sánchez. Echo state network and variational autoencoder for efficient one-class learning on dynamical systems. Journal of Intelligent and Fuzzy Systems, IOS Press. DOI: 10.3233/JIFS-169552, 2018 (Impact Factor: 1.426)
864. F. Sancho Caparrini. Breve Historia de la Inteligencia Artificial. En "La Inteligencia Artificial. El mundo que viene". Revista de Occidente, Julio-Agosto 2018.
865. P. Almagro; F. Sancho Caparrini. Property Query Graphs for Multi-Relational Learning. Machine Learning for Network Science, 2017.
866. D. Cabrera; F. Sancho Caparrini; C. Li; M. Cerrada; R-V. Sánchez; F. Pacheco; J. Valente. Automatic Feature Extraction of Time-Series applied to Fault Severity Evaluation of Helical Gearbox in Stationary and Non-Stationary Speed Operation. Applied Soft Computing Journal, 2017. (Impact Factor: 3.907)
867. R. Ulloa; C. Kacperski; F. Sancho Caparrini. Institutions and Cultural Diversity: Effects of Democratic and Propaganda Processes on Local Convergence and Global Diversity. PLoS ONE 11(4): e0153334, 2016. (Impact Factor: 2.806)
868. Esteban, C.; Moraza, J.; Sancho, F.; Aburto, M.; Aramburu, A.; Goiria, B.; García-Loizaga, A.; Capelastegui, A. Machine learning for COPD exacerbation prediction. European Respiratory Journal, 46, suppl 59, 2015, Eur Respiratory Soc. (Impact Factor: 8.332)
869. Cabrera, D.; Sancho, F.; Sánchez, R-V.; Zurita, G.; Cerrada, M.; Li, C.; Vázquez, R. Fault diagnosis of spur gearbox based on random forest and wavelet packet decomposition. Frontiers of Mechanical Engineering, 10, 3, 277-286, 2015, Springer. (Impact Factor SJR: 0.342)
870. W. Cintra, C. Morales-Rodrigo, Antonio Suárez (2019), Unilateral global bifurcation for a class of quasilinear elliptic systems and applications, Journal of Differential Equations 267, 619-657.
871. M. Delgado, I. B. M. Duarte, Antonio Suárez (2019), Positive solutions of a nonlocal singular elliptic equation by means of a non-standard bifurcation theory, J. Math. Anal. Appl., 469, 897-915.

872. T. S. Figueiredo do Sousa, C. Morales-Rodrigo, Antonio Suárez (2018), The influence of a metasolution on the behaviour of the logistic equation with nonlocal diffusion coefficient *Calculus of Variations and Partial Differential Equations*, 55, Art. 100, 26pp.
873. G. M. Figueiredo, Antonio Suárez (2018), Some remarks on the comparison principle in Kirchhoff equations, *Rev. Mat. Iberoam.* 34, 609-620.
874. W. Cintra C. Morales-Rodrigo, Antonio Suárez (2018), Coexistence states in a cross-diffusion system of a predator-prey model with predator satiation term, *Math. Models Methods Appl.*, 28, 2131–2159.
875. W. Cintra C. Morales-Rodrigo, Antonio Suárez (2017), Combining linear and fast diffusion in a nonlinear elliptic equation, *Calculus of Variations and Partial Differential Equations*, 56, Art. 2, 22pp.
876. W. Cintra C. Morales-Rodrigo, Antonio Suárez (2017), Refuge versus dispersion in the logistic equation, *Journal of Differential Equations*, 262, 5606-5634.
877. G. Guerrero, J. A. Langa, Antonio Suárez (2017), Architecture of attractor determines dynamics on mutualistic complex networks, *Nonlinear Analysis. Real World Applications*, 11, 17-40..
878. T. S. Figueiredo do Sousa, C. Morales-Rodrigo, Antonio Suárez (2017), A non-local non-autonomous diffusion problem: linear and sublinear cases, *Z. Angew. Math. Phys.*, 68, nº 5, Art. 108, 20 pp.
879. M. O. Alves, M. T. O. Pimenta, Antonio Suárez (2017), Lotka-Volterra models with fractional diffusion, *Proc. Roy. Soc. Edinburgh Sect. A*, 147, nº 3, 505-528.
880. L.F. Macías, B. Song, L. Valencia, L. Pan, M.J. Pérez. Membrane fission: A computational complexity perspective. *Complexity*, 21, 6 (2016), 321-334.
881. T. Wang, X. Wei, T. Huang, J. Wang, H. Peng, M.J. Pérez-Jiménez, L. Valencia-Cabrera. Modeling Fault Propagation Paths in Power Systems: A New Framework Based on Event SNP Systems with Neurotransmitter Concentration. *IEEE Access*, Volume 7 (January 14, 2019), Pages 12798-12808.
882. L. Pan, B. Song, L. Valencia-Cabrera, M.J. Pérez-Jiménez. The computational complexity of tissue P systems with evolutionary symport/antiport rules. *Complexity*, (2018), Article ID 3745210, 21 pages. ISI
883. T. Wang, X. Wei, T. Huang, J. Wang, L. Valencia-Cabrera, Z. Fan, M.J. Pérez-Jiménez. Cascading Failures Analysis Considering Extreme Virus Propagation of Cyber-Physical Systems in Smart Grids. *Complexity*, Volume 2019,
884. M.A. Colomer, A. Margalida, L. Valencia-Cabrera, A. Palau. Application of a computational model for complex fluvial ecosystems: The population dynamics of zebra mussel *Dreissena polymorpha* as a case study. *Ecological Complexity*, 20 (2014), 116-126
885. L. Valencia-Cabrera, D. Orellana-Martín, M. A. Martínez-del-Amor, A. Riscos-Núñez, M.J. Pérez-Jiménez. Cooperation in Transport of Chemical Substances: A Complexity Approach within Membrane Computing. *Fundamenta Informaticae*, 154 (2017), 373-385.
886. L. Valencia-Cabrera, D. Orellana-Martín, M. A. Martínez-del-Amor, A. Riscos-Núñez, M.J. Pérez-Jiménez. Computational efficiency of minimal cooperation and distribution in polarizationless P systems with active membranes. *Fundamenta Informaticae*, 153, 1-2 (2017), 147-152.
887. L. Valencia-Cabrera, D. Orellana, M.A. Martínez-del-Amor, A. Riscos, M.J. Pérez-Jiménez. Reaching efficiency through collaboration in membrane systems: Dissolution, polarization and cooperation. *Theoretical Computer Science*, 701 (2017), 226-234. ISI Impact Factor: 0.772. Ranking: 77/103 – Q3.
888. M.J. Pérez-Jiménez, C. Graciani, D. Orellana, A. Riscos, A. Romero, L. Valencia. Fuzzy reasoning spiking neural P systems revisited: A formalization. *Theoretical Computer Science*, 701 (2017), 216-225.
889. M.A. Martínez-del-Amor, M. García-Quismondo, L.F. Macías-Ramos, L. Valencia-Cabrera, A. Riscos-Núñez, M.J. Pérez-Jiménez. Simulating P Systems on GPU Devices: A Survey. *Fundamenta Informaticae*, 136, 3 (2015), 269-284.
890. L.F. Macías-Ramos, L. Valencia-Cabrera, B. Song, T. Song, L. Pan, M.J. Pérez-Jiménez. A P-Lingua Based Simulator for P Systems with Symport/Antiport Rules. *Fundamenta Informaticae*, 139, 2 (2015), 211-227.
891. L.F. Macías-Ramos, M.J. Pérez-Jiménez, A. Riscos-Núñez, L. Valencia-Cabrera. Membrane fission versus cell division: when membrane proliferation is not enough. *Theoretical Computer Science*, 608 (2015), 57-65.
892. D. Orellana-Martín, C. Graciani, L.F. Macías-Ramos, M.A. Martínez-del-Amor, A. Riscos-Núñez, Á. Romero-Jiménez, L. Valencia-Cabrera. Sevilla Carpets Revisited: Enriching the Membrane Computing Toolbox. *Fundamenta Informaticae*, 134, 1-2 (2014), 153-166.
893. D. Orellana-Martín, L. Valencia-Cabrera, A. Riscos-Núñez, M.J. Pérez-Jiménez. A path to computational efficiency through membrane computing. *Theoretical Computer Science*, 777 (2019),

- 443-453.
- 894.L. Valencia-Cabrera, D. Orellana, M.A. Martínez-del-Amor, A. Riscos, M.J. Pérez-Jiménez. From distribution to replication in cooperative systems with active membranes: A frontier of the efficiency. *Theoretical Computer Science*, 736 (2018), 15-24. ISI Impact Factor: 0.718. Ranking: 88/104 – Q4.
- 895.D. Orellana, M.A. Martínez-del-Amor, L. Valencia-Cabrera, B. Song, L. Pan, M.J. Pérez-Jiménez. P systems with symport/antiport rules: When do the surroundings matter? *Theoretical Computer Science*, in press (2018).
- 896.D. Orellana-Martín, M.A. Martínez-del-Amor, I. Pérez-Hurtado, A. Riscos-Núñez, L. Valencia-Cabrera, M.J. Pérez-Jiménez. When object production tunes the efficiency of membrane systems. *Theoretical Computer Science*, in press (2018). ISI Impact Factor: 0.772.
- 897.D. Orellana-Martín, L. Valencia-Cabrera, A. Riscos-Núñez, M.J. Pérez-Jiménez. The Unique Satisfiability Problem from a Membrane Computing Perspective. *Romanian Journal of Information Science and Technology*, 21, 3 (2018), 288-297. ISI Impact Factor: 0.661. Ranking: 90/104 – Q4.
- 898.L. Valencia-Cabrera, T. Wu, Z. Zhang, L. Pan, M.J. Pérez-Jiménez. A simulation software tool for cell-like spiking neural P systems. *Romanian Journal of Information Science and Technology*, 20, 1 (2017), 71-84. ISI I. Factor: 0.288.
- 899.M.A. Martínez-del-Amor, L.F. Macías-Ramos, L. Valencia-Cabrera, M.J. Pérez-Jiménez. Parallel simulation of Population Dynamics P systems: updates and roadmap. *Natural Computing*, 15, 4 (2016), 565-573. ISI Impact Factor: 0.778. Ranking: 80/104.
- 900.X. Chen, M.J. Pérez-Jiménez, L. Valencia-Cabrera, B. Wang, X. Zeng. Computing with viruses. *Theoretical Computer Science*, 623 (2016), 146-159. ISI Impact Factor: 0.698. Ranking: 85/104 – Q4.
- 901.I. Pérez-Hurtado, L. Valencia, J.M. Chacón, A. Riscos, M.J. Pérez-Jiménez. A P-Lingua based simulator for tissue P systems with cell separation. *Romanian Journal of Information Science and Technology*, 623 (2016), 89-102.
- 902.Serrano-Bueno, G., Romero-Campero, F.J., Lucas-Reina, E. Romero, J.M. and Valverde, F. (2017) Evolution of photoperiod sensing in plants and algae. Invited review. *Current Opinion in Plant Biology* 37,10-17. 17 citas.
- 903.Sarid-Krebs, L.; Panigrahi, Kishore C. S.; Fornara, F.; et al. (2015) Phosphorylation of CONSTANS and its COP1-dependent degradation during photoperiodic flowering of Arabidopsis. *Plant Journal* 84, 451-463. 25 citas.
- 904.Lucas-Reina, E., Romero-Campero, F.J., Romero, J.M. and Valverde, F. (2015) An Evolutionarily Conserved DOF-CONSTANS Module Controls Plant Photoperiodic Signaling. *Plant Physiology* 168, 561-574. 19 citas.
- 905.Ortiz-Marchena, M.I., Albi, T., Lucas-Reina, E., Said, F.E., Romero-Campero, F.J., Cano, B., Ruiz, M.T., Romero, J.M. and Valverde, F. (2014) Photoperiodic control of carbon distribution during the floral transition in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Cell* 26, 565-584. 44 citas.
- 906.Vega, F.M.\*, Colmenero-Repiso, A., Gomez-Muñoz, M.A., Rodríguez, I., Aguilar- Morantes, D., Ramírez, G., Márquez, C., Cabello, R. and Pardal, R.\* “CD44 positive neural crest stem-like cells are associated with tumour aggressiveness and poor survival in neuroblastoma tumours”
- 907.Vega, F.M., Reymond, N. & Ridley, A.J. "RhoC (RHOC)" (2018) *Encyclopedia of Signaling Molecules*. Choi, S. (ed.) Springer-Verlag. ISBNe: 978-1-4614-6438-9. pp : 1- 9.[Capitulo de libro]
- 908.Linares-Clemente, P., Aguilar-Morante, D., Rodríguez-Prieto, I., Ramírez, G., de Torres, C., Santamaría, V., Pascual-Vaca, D., Colmenero-Repiso, A., Vega, F.M., Mora, J., Cabello, R., Márquez, C., Rivas, E., Pardal, R. “Neural crest derived progenitor cells contribute to tumor stroma and aggressiveness in stage 4/M neuroblastoma” (2017) *Oncotarget*. Sep 21;8(52):89775-89792
- 909.Vega, F.M., Gautier, V., Fernandez-Ponce, C.M., Maarten, A.F., Tellez, J.T., Hernandez- Campos, J.A., Millan, J., Pardal, R., Garcia-Cózar, F.J., Aguado, E., Heck, A.J.R. and Duran-Ruiz, M.C. “The atheroma plaque secretome stimulates the mobilization of endothelial progenitor cells ex vivo” (2017) *J Mol Cell Cardiology*. Feb18.
- 910.Vega, F.M.\* and Ridley, A.J. “The RhoGTPase RhoB in physiology and disease” (2016) *Small GTPases* Nov. 22:1-10
- 911.Erdreich-Epstein, A., Singh, A.R., Joshi, S., Vega, F.M., Guo, P., Xu, J., Groshen, S., Millard, M., Campan, M., Morales, G., Garlich, J.R., Laird, P.W., Seeger, R.C., Shimada, H. and Durden, D.L. “ Association of high microvessel  $\alpha\beta3$  and low PTEN with poor outcome in Stage 3 neuroblastoma: rationale for using first in class dual PI3K/BRD4 inhibitor, SF1126” (2016) *Oncotarget* Nov 16.
- 912.Moura, D.S., Fernández, I.F., Marín-Royo, G., López-Sánchez, I., Martín-Doncel, E., Vega, F.M. and Lazo, P.A. “Oncogenic Sox2 regulates and cooperates with VRK1 in cell cycle progression and differentiation” (2016) *Scientific Reports*. 6:28532

913. Vega, F.M.\*, Reymond, N., Thomas, M. and Ridley, A.J.\* “RhoB controls epithelial cell-cell adhesions by regulating E-Cadherin dynamics” (2015) *Cell Commun. Signal.* Jan29;13:6
914. JULIA M<sup>a</sup> CONTRERAS FERNÁNDEZ; Victoria Sarah Begley; Marsella, Laura; EDUARDO VILLALOBO POLO. The splicing of tiny introns of *Paramecium* is controlled by MAGO. *Gene.* 663, pp. 101 - 109. 2018.
915. Vallesi, Adriana; Sjödin, Andreas; Petrelli, Dezemona; Luporini, Pierangelo; Taddei, Anna Rita; Thelaus, Johanna; Nilsson, Elin; Di Giuseppe, Graziano; GABRIEL GUTIERREZ POZO; EDUARDO VILLALOBO POLO. A New Species of the  $\gamma$ -Proteobacterium *Francisella*, *F. adeliensis* Sp. Nov., Endocytobiont in an Antarctic Marine Ciliate and Potential Evolutionary Forerunner of Pathogenic Species. *Microbial Ecology.* 2018.
916. Garcia-palmero, Irene; Pompa-veganzones, Noemi; EDUARDO VILLALOBO POLO; Gioria, Sophie; Haiech, Jacques; Villalobo-polo, Antonio. The adaptors Grb10 and Grb14 are calmodulin-binding proteins. *FEBS Letters.* 591, pp. 1176 - 1186. 2017.
917. Gabriel Gutierrez Pozo; Chistyakova, Ludmila; Eduardo Villalobo Polo; Kostygov, Alexei Y; Frolov, Alexander O. Identification of *Pelomyxa palustris* Endosymbionts. *Protist.* 168, pp. 408 - 424. 2017.
918. Eduardo Villalobo Polo; Alfonso Mazuelos Rojas. Microbial Populations in Ferrous Iron Oxidation Bioreactors. *revista de los másteres de Biotecnología Sanitaria y Biotecnología Ambiental, Industrial y Alimentaria de la UPO.* 4, 2016. Tipo de producción: Artículo.
919. Goñi, Ignacio; Silvana Teresa Tapia Paniagua; Tatiana Robledo Mahón; Eduardo Villalobo Polo; Alma Hernández De Rojas; Juan Ignacio Vilchez Morillas. Twitter as a tool for teaching and communicating Microbiology: the #microMOOCSEM initiative *Journal of Microbiology & Biology Education.* 17 - 3, pp. 492 - 494. 2016. Tipo de producción: Artículo.
920. Contreras-fernández, Julia; Begley, Victoria; Macías, Sandra; EDUARDO VILLALOBO POLO. An UPF3-based nonsense-mediated decay in *Paramecium*. *Research in Microbiology.* 165 - 10, pp. 841 - 846. 2014. Disponible en Internet en: <<http://www.journals.elsevier.com/research-in-microbiology>>.
921. Purificación Calvo Ruiz; Irene Jiménez Guerrero; Eduardo Villalobo Polo; Ramón Andrés Bellogin Izquierdo; Francisco Javier Ollero Márquez. Detección de contaminación fecal en aguas. 2014.
922. Olmedo-Verd, E., Brenes-Álvarez, M., Vioque, A., Muro-Pastor, A.M. (2019) A heterocyst-specific antisense RNA contributes to metabolic reprogramming in *Nostoc* sp. PCC 7120. *Plant Cell Physiol.*, 60(8): 1646–1655.
923. Brenes-Álvarez, M., Mitschke, J., Olmedo-Verd, E., Georg, J., Hess, W.R., Vioque, A., Muro-Pastor, A.M. (2019) Elements of the heterocyst-specific transcriptome unraveled by co-expression analysis in *Nostoc* sp. PCC 7120. *Environ. Microbiol.*, 21, 2544-2558.
924. Álvarez-Escribano, I., Vioque, A., Muro-Pastor, A.M. (2018) NsrR1, a nitrogen stress-repressed sRNA, contributes to the regulation of *nblA* in *Nostoc* sp. PCC 7120. *Front Microbiol.* 9, 2267.
925. Muro-Pastor, A.M., Brenes-Álvarez, M., Vioque, A. (2017) A combinatorial strategy of alternative promoter use during differentiation in a heterocystous cyanobacterium. *Environ. Microbiol. Rep.* 9, 449-458.
926. Brenes-Álvarez, M., Olmedo-Verd, E., Vioque, A., Muro-Pastor, A. M. (2016) Identification of Conserved and Potentially Regulatory Small RNAs in Heterocystous Cyanobacteria. *Front. Microbiol.*, 7:48.
927. Bernal-Bayard, P., Puerto-Galán, L., Vioque, A. (2014) RNase P RNA from the recently evolved plastid of *Paulinella* and from algae. *Int. J. Mol. Sci.*, 15, 20859-20875.

**MECANISMOS DE QUE SE DISPONE PARA ASEGURAR QUE LA SELECCIÓN DEL PROFESORADO SE REALIZARÁ ATENDIENDO A LOS CRITERIOS DE IGUALDAD ENTRE HOMBRES Y MUJERES Y DE NO DISCRIMINACIÓN DE PERSONAS CON DISCAPACIDAD**

La normativa de contratación de la Universidad de Sevilla es acorde con los principios reflejados en el artículo 55 de la LO 3/2007, de 22 de marzo, para la igualdad efectiva de hombres y mujeres y ha adoptado medidas para respetar escrupulosamente dicha igualdad en función de lo contemplado en la Ley 6/2001 de Universidades y la Ley 25/2003 Andaluza de

Universidades. Las características concretas del plan pueden consultarse en la siguiente web: <http://igualdad.us.es/htm/actua-plan.htm>

Igualmente, se contemplan los principios regulados en la Ley 51/2003 de igualdad de oportunidades, no discriminación y accesibilidad universal a las personas con discapacidad. El plan concreto puede consultarse en la siguiente web: <https://sacu.us.es/ne-plan-integral>

## 6.2.- OTROS RECURSOS HUMANOS (Incluir también el Personal de Administración y Servicios)

Para la puesta en marcha de este nuevo Título es necesario contar con Personal de Administración y Servicios tanto en la US como en la UNIA. De hecho, la oferta docente no sería posible sin el personal de apoyo encargado de atender las labores administrativas y de gestión imprescindibles para el correcto desarrollo de las actividades docentes.

Desde la US, el título se impartirá en las instalaciones de la Facultad de Biología donde el personal del Centro cuenta con la formación y experiencia adecuada, especialmente en los servicios de Secretaría, Conserjería y Aulas de Informática. Además, el personal de Administración y los Técnicos de Laboratorio de los distintos Departamentos del Centro participarán en todo lo relacionado con la información a los alumnos y en la organización de las prácticas de las asignaturas impartidas por el personal docente de los mismos. A continuación se especifica en primer lugar el número de personas disponible para la puesta en marcha y consecución del título y posteriormente se lista detallada de cada una de ellas con nombre, apellidos y cargo que ocupan.

*Número de Personas de Administración y servicios que participarán en el Máster, todos con mas de 10 años de experiencia.*

### **Centro:**

Administradora de Centro: 1

Responsable de la Gestión Económica, Ordenación Académica y Personal: 1

Responsable de Órganos de Gobierno: 1

### Servicio de Secretaría:

Responsable del Servicio: 1

Responsable de Gestión de Alumnos: 1

Administrativos: 2

### Servicio Aulas de Informática:

Encargada de Equipo: 1

Técnico Especialista: 1

Técnico Auxiliar: 1

### Servicio de Conserjería:

Coordinador de Servicio: 1  
Encargado de equipo: 3  
Técnicos Especialistas: 6  
Técnicos Auxiliares: 4

**Departamentos:**

Administrativos: 9  
Técnicos Especialistas de Laboratorio: 6  
Técnicos Auxiliares de Laboratorio: 6

*Lista detallada del personal de Administración y Servicios que participará en el Máster en Biología Avanzada indicando nombre, apellidos y cargo que ocupan*

1. Alonso Gómez, Concepción. Técnico Auxiliar de Conserjería
2. Alvarez Orozco, José Manuel. Administrativo de Departamento
3. Barragán Bernal, Yolanda. Técnico Auxiliar de Conserjería
4. Blasco Cortés, Ascensión. Responsable de Administración de Secretaría
5. Cabrera Soriano, Rosa María. Administrativa de Departamento
6. Carmona Ponce, Antonio Manuel. Encargado de Equipo de Conserjería.
7. Deaño Perea, Joaquin. Administrativo de Departamento
8. Franco García, Alfonso. Técnico Especialista de Laboratorio
9. Galeano Riquelme, María Fernanda. Técnico Auxiliar de Laboratorio
10. García López, Amparo. Técnico Auxiliar de Conserjería
11. García Navarro, Remedios. Encargada de Equipo.
12. García Pérez, Leonor. Técnico Especialista de Conserjería
13. García Sotelino, Isabel. Encargada de Equipo de Informática
14. González Fernández, Encarnación. Administradora de Gestión de Centro
15. Guerrero Macho Rocío. Responsable de Gestión de Alumnos
16. Gutierrez Alcántara, M<sup>a</sup> Rocío. Técnico Auxiliar de Laboratorio
17. Hidalgo Perea, Angeles. Técnico Auxiliar de Laboratorio
18. Jimenez Morgado, Marina. Técnico Auxiliar de Laboratorio
19. Jimenez Olmedo, Jose Manuel. Técnico Especialista de Laboratorio
20. Jimenez Triguero, Miguel. Encargado de Equipo de Conserjería.
21. Lopez Ruiz, Jose Manuel. Administrativo
22. Lopez Sariago, Rosa María. Técnico Auxiliar de Laboratorio
23. Machuca Jimenez, Ana. Administrativo de Departamento
24. Mandinabeitia Peiro, Nuria. Técnico Especialista de Laboratorio
25. Marin Bernal, María José. Administrativo de Departamento
26. Martínez Pineda, Juan Manuel. Técnico Especialista Aula de Informática.
27. Moyano Fernández, Adela. Coordinadora de Conserjería.
28. Ortiz Gandul, Virginia. Técnico Auxiliar de Conserjería
29. Parejo Domínguez, Ana María. Administrativo de Departamento
30. Pérez Muñoz, Jesús. Administrativo
31. Quinta Peña, Inés. Administrativo de Departamento
32. Rodríguez Martinez, Francisco. Técnico Especialista de Laboratorio
33. Rodríguez Rodríguez, María Dolores. Técnico Especialista de Conserjería
34. Rodríguez Rubio, Joaquina. Técnico Especialista de Conserjería
35. Romanco Leal, Luis. Técnico Especialista de Laboratorio
36. Rubio Avis, Cesareo. Técnico Especialista de Conserjería

- 37. Rubio Espejo, Rosa. Técnico Especialista de Conserjería
- 38. Sanchez Prieto, Mercedes. Administrativo de Departamento
- 39. Sanchez Zambrano, Concepción. Administrativo de Departamento
- 40. Serrano Benítez, Juan. Técnico Auxiliar Aula de Informática
- 41. Trenado Davila, María Asunción. Técnico Auxiliar de Laboratorio

En conjunto se puede afirmar que se dispone de personal suficiente (41 personas) con una elevada experiencia laboral en el propio centro (más de 10 años de media), con inquietud por ofrecer óptimos niveles de calidad en el servicio y con predisposición de ayuda y asesoramiento hacia el alumnado.

En cuanto a los recursos humanos disponibles en la UNIA son:

Vinculación con la Universidad	Categoría dentro de la institución	Experiencia profesional	Adecuación a los ámbitos de conocimiento vinculados al Título
PAS (UNIA)	Jefe de Sección de Posgrado	12 años	Labores técnicas y administrativas en el ámbito de la ordenación académica. Gestión de equipo de trabajo
PAS (UNIA)	Responsable de Oficina de Estudios de Posgrado	15 años	Labores técnicas y administrativas relacionadas con los estudiantes
PAS (UNIA)	Responsable del Área de Innovación Docente.	15 años	Coordinación de la docencia en el campus virtual
PAS (UNIA)	Responsable técnico de Enseñanza Virtual	15 años	Aplica nuevas metodologías a los mecanismos de enseñanza virtual del espacio virtual de aprendizaje, así como de todo tipo de nuevas herramientas de comunicación y aplicaciones informáticas
PAS (UNIA)	Responsable Técnico de Calidad	15 años	Gestión de la calidad en los Másteres

Cabe destacar que los mecanismos puestos en marcha por las universidades participantes destinados a asegurar la igualdad entre hombres y mujeres y la no discriminación de personas con discapacidad son extensibles a todo su personal, tanto a profesorado como al resto de recursos humanos y, por supuesto, alumnado.

## 7.- RECURSOS MATERIALES Y SERVICIOS

### 7.1.- JUSTIFICACIÓN DE LA ADECUACIÓN DE LOS MEDIOS MATERIALES Y SERVICIOS



DISPONIBLES

Según el Convenio Interuniversitario de Colaboración Educativa entre las universidades participantes, el alumnado del Máster podrá acceder a las infraestructuras y servicios disponibles en cualquiera de las universidades, con independencia de en cuál de ellas esté matriculado.

En el presente apartado desarrollamos, de entre los medios materiales y servicios disponibles en todas ellas, aquéllos que se adecúan al mejor desarrollo de este Máster.

### **UNIVERSIDAD DE SEVILLA**

Descripción de los medios materiales y servicios disponibles (laboratorios y talleres, biblioteca, acceso a bases de datos, conectividad, etc.):

La Facultad de Biología, y los demás centros participantes, están ubicados en una serie de edificios que incluyen todo tipo de laboratorios de docencia e investigación, despachos, aulas, servicios informáticos, bibliotecas y otros espacios auxiliares (comedores, Salones de Grados, Aulas Magnas, etc.). En el caso de la Facultad de Biología, estos servicios están concentrados en dos edificios: 1. “verde”, en el que están los laboratorios de investigación y de docencia y un Salón de Grados, y 2. “rojo”, en el que se encuentran aulas, aula magna, aulas de informática, segundo Salón de Grados, oficinas de administración, salas de lectura, comedor, etc.

El edificio rojo de la facultad de Biología cuenta con 15 aulas, cada una de las cuales tiene capacidad para entre 18 y 70 estudiantes. En este edificio también se encuentran cuatro aulas de informática con capacidad para entre 25 y 50 alumnos, siendo en ellas donde se desarrollará gran parte de la docencia en este máster. Además el edificio rojo cuenta con un Aula Magna para 300 personas y un salón de grados donde se desarrollarán los seminarios y conferencias del título. El edificio verde la facultad de Biología cuenta con 9 laboratorios generales de prácticas y un total de 18 laboratorios docentes ubicados en los espacios de las nueve áreas de la Facultad de Biología. Además aloja un segundo salón de grados que podría ser utilizado en caso de que no estuviese disponible el ubicado en el edificio rojo. Los grupos de investigación implicados en la docencia del máster cuentan también con laboratorios de investigación donde podrán llevarse a cabo algunas de las labores docentes de carácter práctico contempladas en el título.

Además de los medios propios de cada uno de los departamentos y grupos de investigación, hay toda una serie de servicios comunes propios de la Universidad de Sevilla. De estos servicios cabe destacar los Servicios Generales y Centros de Investigación (SGCI) de la Universidad de Sevilla, que prestan apoyo funcional e instrumental al desarrollo de la actividad investigadora, centralizados en gran medida en el Centro de Investigación, Tecnología e Innovación (CITIUS) que está situado junto a la Facultad de Biología y en el Edificio Celestino Mutis situado en el Campus Reina Mercedes. Entre los servicios internos del CITIUS y del Edificio Celestino Mutis se encuentran los servicios de Microanálisis, Microscopía Electrónica, Espectrometría de Masas, Radioisótopos, RMN, RX, Biología, XPS/ESCA y Caracterización Funcional; todos ellos dotados de grandes equipos. Entre los servicios externos destacan los servicios de Investigación Agraria, Fototeca, Criogenia, Herbario, Invernadero y Animalario. Aparte, debe mencionarse la Estación de Ecología Acuática Pabellón de Mónaco, en la que participa activamente la Facultad de Biología, y el Centro de Informática Científica de Andalucía (CICA). Este equipamiento garantiza tanto la impartición de clases teóricas y prácticas, como actividades más orientadas hacia la formación técnica y profesional e investigadora, según la especialidad elegida por cada alumno.

También como espacios de uso común cabe destacar aquellos ubicados en el CRAI Antonio de Ulloa. Este edificio donde se ubica la biblioteca, está ubicado en el Campus de Reina Mercedes junto al edificio verde de la Facultad de Biología. Este centro proporciona espacios variados, flexibles y multifuncionales, promueve el uso innovador de los recursos de información conectando el acceso a la información con programas de aprendizaje o innovación docente y facilitará el acceso y uso de medios tecnológicos y audiovisuales necesarios para el aprendizaje activo y una docencia innovadora. Los servicios que ofrece son:

- Plazas de lectura: 961
- Salas de trabajo en grupo: 18 (95 plazas)
- Cabinas individuales: 3
- Seminarios: 3 (24 plazas)
- Aulas TIC: 9 (239 plazas). Estos nueve espacios TIC tienen la siguiente capacidad: un aula para 15 alumnos, una para 19 alumnos, una para 20 alumnos, dos aulas para 25 alumnos, dos para 30 alumnos, una para 37 alumnos y una para 42 alumnos. Estos espacios podrán utilizarse en caso de necesidad para la impartición de la docencia de este título
- Sala de videoconferencia: 1 (12 plazas)
- Laboratorio de idiomas: 1 (8 plazas)
- Colección bibliográfica
- Recursos electrónicos: más de 350.000 libros electrónicos, más de 23.000 revistas electrónicas suscritas por la US y más de 9.000 revistas de libre acceso.

#### Accesibilidad de diseño de los medios materiales

El centro y sus dependencias reúnen las condiciones de accesibilidad necesarias para evitar que los distintos espacios donde se realiza la actividad docente supongan impedimento y/o dificultad para el desarrollo académico de las personas con discapacidad. Las aulas, laboratorios, salas de estudios, salón de Actos y accesos exteriores e interiores de los edificios donde se imparte la docencia, poseen tales condiciones, con rampas, ascensores, etc. Además la Universidad de Sevilla y, por tanto, la Facultad de Biología tiene el compromiso de garantizar la igualdad de oportunidades, la no discriminación y la accesibilidad universal de las personas con discapacidad, cubriendo aquellas necesidades adicionales que pudieran surgir mediante una política activa de facilitación de la accesibilidad a los edificios e instalaciones universitarias siguiendo las líneas marcadas en el RD 505/2007 de 20 de abril. Dicho compromiso consta en el Estatuto de la Universidad de Sevilla:

- *Art. 72, aptdo. 2: Son derechos de los miembros de la comunidad universitaria, además de los reconocidos en las leyes y otros artículos del presente Estatuto, los siguientes: (...) e) La igualdad de oportunidades y la no discriminación por razón de sexo, orientación sexual, raza, religión, discapacidad, o cualquier otra condición o circunstancia personal o social. f) Recibir un trato no sexista.*

- *Art. 72, aptdo. 4: " La Universidad de Sevilla garantizará, de acuerdo con la legislación*

*aplicable, la igualdad de oportunidades, adquirido en su Estatuto de los miembros de su comunidad universitaria con discapacidad y la proscripción de cualquier forma de discriminación. A tal fin, establecerá medidas de acción positiva tendentes a asegurar su participación plena y efectiva en el ámbito universitario, facilitándoles los medios para su integración en sus puestos de trabajo o estudio y el acceso a los servicios, instalaciones y espacios universitarios, incluidos los espacios virtuales."*

*- Art. 96, aptdo. 1. "Sin perjuicio de cualesquiera otros que les atribuyan la legislación vigente y el presente Estatuto, los estudiantes de la Universidad de Sevilla tienen los siguientes derechos: (...) u) A recibir una atención especial en caso de embarazo y en situaciones personales de grave dificultad o discapacidad, de modo que se les preste asesoramiento en el estudio de las asignaturas, facilidades para la realización de las clases prácticas y adecuación de fechas para la realización de pruebas y exámenes."*

### Equipamiento docente

Los equipamientos de todas las aulas y laboratorios de prácticas constan de pizarras, un ordenador, pantalla de proyección, proyector de transparencias móvil, video proyector, y conexión a Internet.

Las aulas de informática constan de 15-20 ordenadores para los alumnos más 1 ordenador para el profesor (todos en red con acceso a Internet), pizarra, pantalla de proyección, proyector de transparencias móvil y video proyector.

Los dos salones de Grado y el Aula Magna están equipados con pizarra, pantalla de proyección, proyector de transparencias móvil, video proyector, pantalla de plasma, conexión a Internet por cable y conexión wi-fi, y equipo de videograbación.

Se dispone de conexión wi-fi en todo el centro y campus universitario, y la conexión por cable es a través de fibra óptica.

La Universidad de Sevilla desarrolla una política activa de facilitación de la accesibilidad a los edificios e instalaciones universitarias así como a los recursos electrónicos de carácter institucional, siguiendo las líneas marcadas en el RD 505/2007 de 20 de abril, por el que se aprueban las condiciones básicas de accesibilidad y no discriminación de las personas con discapacidad para el acceso y utilización de los espacios públicos urbanizados y edificaciones.

### Mecanismos de revisión e mantenimiento

El mantenimiento de infraestructuras es un servicio centralizado de la Universidad de Sevilla dependiente de la Dirección General de Infraestructuras, que tiene como funciones, entre otras:

- 1- Aseguramiento y control del correcto funcionamiento de las instalaciones que representan la infraestructura básica de los Centros y Departamentos.
- 2- Acometer programas de mantenimiento preventivo.
- 3- Realizar el mantenimiento correctivo de cualquier tipo de defecto o avería que se presente en la edificación y sus instalaciones.
- 4- Promover ante los órganos correspondientes las necesidades en cuanto a obras de ampliación o reforma de instalaciones que sean necesarias.

Por otra parte, respecto al mantenimiento y revisión del material informático y nuevas tecnologías, la Universidad de Sevilla cuenta con órganos que abordan tales aspectos. El Servicio de Informática y Comunicaciones (SIC) que presta, entre otros, los siguientes

servicios:

- 1- Equipamiento Informático: Adquisición de Programas y Material Informático.
- 2- Alojamiento Web: Alojamiento de Páginas Web en [www.us.es](http://www.us.es)
- 3- Foros: Servicio de Foros de la Universidad de Sevilla.
- 4- Formación: Formación de Usuarios.

Además, en relación a las consultas o peticiones relacionadas con ordenadores (adquisición, instalación de equipos, instalación de paquetes legalmente adquiridos), las incidencias producidas en el uso de ordenadores y redes (problemas de funcionamiento en general, problemas con los programas, tanto de los paquetes como de las aplicaciones corporativas de gestión), y las redes de voz y datos (altas, traslados, de líneas o equipos, averías), etc. cuenta con la Unidad de Soporte de Operaciones y Sistemas (SOS), constituida por el Centro de Atención de Llamadas y los Equipos de Intervención en los puestos de trabajo de los usuarios. Con todos estos recursos a su disposición el objetivo prioritario y estratégico de la Dirección General de Infraestructuras (<http://institucional.us.es/viceinfra/index.php/inicio>) es asegurar la conservación y el óptimo funcionamiento de todos los centros de la Universidad de Sevilla contribuyendo a que desarrollen plenamente su actividad y logren sus objetivos mediante la prestación de un servicio excelente adaptándose a las nuevas necesidades.

Por último hay que señalar que la Facultad de Biología concurre anualmente al Plan propio de Docencia de la Universidad de Sevilla. A través de la convocatoria "1.2.1 Dotación y Mejora de los recursos para la Docencia" solicita financiación para las actividades docentes planificadas y para la mejora de recursos audiovisuales. De esta manera se consigue arreglar o sustituir los equipos que lo necesiten para el buen desarrollo de la docencia. La sustitución o arreglo de ordenadores, equipamiento básico para la impartición de esta titulación, puede financiarse a través de esta ayuda.

## **UNIVERSIDAD INTERNACIONAL DE ANDALUCÍA**

### **LA SEDE DE LA CARTUJA DE SEVILLA**

El Rectorado de la UNIA se encuentra en la Sede La Cartuja, ubicada en el Monasterio de Santa María de Las Cuevas, conjunto arquitectónico que fue declarado en 1964 "monumento histórico-artístico" y en 1989 "conjunto monumental". En 1997, el Consejo de Gobierno de la Junta de Andalucía cede el ala norte del recinto cartujano a la UNIA para instalar su Rectorado.

La sede alberga tanto los órganos de gobierno como los servicios centrales de administración, así como instalaciones habilitadas para desarrollar actividades académicas y reuniones científicas.



La UNIA ofrece múltiples servicios, tanto a la comunidad universitaria como a la sociedad en general. Pone a disposición de estudiantes y docentes recursos orientados a optimizar los procesos de enseñanza-aprendizaje en los que participan, así como las labores de investigación.

Pero además está trabajando en la puesta en funcionamiento de toda una serie de extensiones que tienen como objetivo fundamental el incremento de la rentabilidad social de los proyectos impulsados por la UNIA, haciendo accesible el conocimiento generado en los mismos a toda la sociedad, más allá de las limitaciones espaciales y temporales. En esta línea, junto a la habitual producción editorial, la UNIA hace importantes esfuerzos en el uso de nuevos formatos basados en las tecnologías digitales y especialmente en Internet para el desarrollo de estas extensiones.

### **ACCESIBILIDAD DE INFRAESTRUCTURAS, INSTALACIONES Y EQUIPAMIENTOS UNIVERSITARIOS**

La Universidad Internacional de Andalucía contempla como una de sus líneas estratégicas principales el objetivo de ofrecer un campus universalmente accesible en sus cuatro Sedes; para ello se trabaja de modo permanente en la eliminación de las barreras arquitectónicas que pueden existir aún en las mismas, llevando a cabo las actuaciones que son necesarias para adaptarlo al RD. 72/1992. El objetivo es proporcionar itinerarios accesibles de acuerdo con la normativa de nuestra Comunidad, permitiendo a todos los miembros de la comunidad universitaria desplazarse de manera autónoma y con seguridad, así como poder utilizar todos los espacios y edificios con mayor concurrencia pública.

La Sede de La Cartuja de la Universidad Internacional de Andalucía dispone de red Wi-Fi con acceso a la red Eduroam (*Educational Roaming*) cuyo objetivo es proporcionar un espacio Wi-Fi único para facilitar el acceso a Internet cuando los miembros de una institución se desplazan a otra que participa igualmente en el proyecto. Asimismo, dispone de redes públicas y de acceso bajo petición para la comunidad universitaria que desarrolle su actividad en estas instalaciones.

Dispone además de un aula polivalente con capacidad para un máximo de 80 personas. Esta aula puede configurarse para albergar puestos de informática con ordenadores portátiles de última generación, que permiten la ejecución del software necesario en cualquier tipo de actividad académica de las que se imparten en la Universidad. Estos ordenadores disponen, además, de software de ofimática instalado, que permite a los usuarios trabajar con procesadores de texto, hojas de cálculo, bases de datos y herramientas de presentación, tanto en sus versiones “open source” como comerciales.

Todas las aulas de la Universidad tienen sistemas de proyección y pantallas para facilitar y asistir a los docentes en su tarea.

Asimismo, en la Universidad se dispone de un sistema de videoconferencia que permite la difusión de material audiovisual al tiempo que se imparte docencia, con capacidad de grabación y reproducción en *streaming*.

### **BIBLIOTECA**

La Biblioteca de la Universidad Internacional de Andalucía constituye un servicio de apoyo a

## 7.2.- PREVISIÓN DE ADQUISICIÓN DE LOS RECURSOS MATERIALES Y SERVICIOS NECESARIOS

Las dos Universidades responsables del Máster Universitario Conjunto en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas disponen de los recursos materiales y servicios necesarios para la impartición del mismo, por lo que inicialmente no se prevén nuevas necesidades.

---

<sup>1</sup> <https://moodle.org/>.

<sup>2</sup> [https://docs.moodle.org/all/es/35/Nuevo\\_para\\_profesores](https://docs.moodle.org/all/es/35/Nuevo_para_profesores).

## 8.- RESULTADOS PREVISTOS

### 8.1.- VALORES CUANTITATIVOS ESTIMADOS PARA LOS INDICADORES Y SU JUSTIFICACIÓN

8.1.1.- INDICADORES OBLIGATORIOS	VALOR
Tasa de graduación:	80
Tasa de abandono:	10
Tasa de eficiencia:	90
Tasa de rendimiento: Porcentaje de créditos que superaron los alumnos de los que se matricularon en un determinado curso académico (aptos/total matriculados)	80

### 8.1.2.- OTROS POSIBLES INDICADORES

Denominación	Definición	VALOR
Tasa de empleo	Porcentaje de alumnos que han conseguido un puesto de trabajo	80

### 8.1.3.- JUSTIFICACIÓN DE LAS TASAS DE GRADUACIÓN, EFICIENCIA Y ABANDONO, ASÍ COMO DEL RESTO DE LOS INDICADORES DEFINIDOS

Los indicadores utilizados son los recogidos en el R.D.1393/2007: tasa de abandono, tasa de graduación y tasa de eficiencia.

Tasa de graduación: Porcentaje de estudiantes que finalizan la enseñanza en el tiempo previsto en el plan de estudios, o en un año académico más, en relación con su cohorte de entrada.

Tasa de abandono: Relación porcentual entre el número total de estudiantes de una cohorte de nuevo ingreso que debieron obtener el título el año académico anterior y que no se han matriculado ni en ese año académico ni en el anterior.

Tasa de eficiencia: Relación porcentual entre el número total de créditos teóricos del plan de estudios a los que debieron haberse matriculado a lo largo de sus estudios el conjunto de estudiantes graduados en un determinado curso académico y el número total de créditos en los que realmente han tenido que matricularse.

Los indicadores anteriores se han estimado de manera conservadora usando principalmente como referencia los datos disponibles de los alumnos que cursan el Máster en Biología Avanzada en la Facultad de Biología durante el curso académico 2018/19. Un resumen de esos indicadores en esas dos titulaciones se muestra a continuación.

Máster en Biología Avanzada (curso 2018/19)

Tasa de graduación: 88.46

Tasa de abandono: 3.85

Tasa de eficiencia: 99.39

Tasa de rendimiento: 87.8

El máster acogerá alumnos de dos campos de conocimiento científicos muy diferentes que deben completar los conocimientos del campo complementario a fin de poder seguir el desarrollo de las asignaturas. La dificultad inherente que esto supone ha hecho que hayamos estimado unas tasas inferiores a las que cabría esperar para un alumnado de máster. Sin embargo, estimamos que los alumnos que egresen tendrán una tasa de empleo cercana al 100% debido a la falta de profesionales de esta disciplina en España y a la gran demanda que existe actualmente de ellos. Aún así hemos estimado un indicador conservador para este aspecto con un valor del 80%.

Las acciones de seguimiento y, en su caso, corrección de tendencias en las tasas previstas de graduación, abandono y eficiencia, se enmarcan dentro del Sistema de Garantía de Calidad de la Universidad de Sevilla.

## **8.2.- PROCEDIMIENTO GENERAL PARA VALORAR EL PROGRESO Y LOS RESULTADOS DE APRENDIZAJE DE LOS ESTUDIANTES**

Progreso y los resultados de aprendizaje de los estudiantes:

### **P.1 EVALUACIÓN Y MEJORA DEL RENDIMIENTO ACADÉMICO**

#### **OBJETO**

El propósito de este procedimiento es conocer y analizar los resultados previstos en el título en relación con su tasa de graduación, tasa de abandono, tasa de eficiencia y resto de indicadores de rendimiento y demanda de la titulación, así como de otros indicadores complementarios y/o auxiliares de los mismos que permitan contextualizar los resultados de los anteriores, con el objeto de comprobar el cumplimiento de la memoria de verificación y orientar el título hacia la mejora del rendimiento de los estudiantes.

#### **DESARROLLO**

Con la periodicidad establecida por la Agencia Andaluza del Conocimiento (AAC), La Comisión de Garantía de Calidad del Centro (CGCC) analizará, para cada curso académico, los resultados de los indicadores Troncales (Obligatorios) y Complementarios/ Auxiliares (Opcionales), según las especificaciones previstas en las fichas de los indicadores. Para ello se utilizará la aplicación LOGROS.

La Comisión de Garantía de Calidad del Centro (CGCC) llevará a cabo el análisis de los resultados obtenidos en los indicadores, debiendo examinar el cumplimiento o no del valor cuantitativo estimado, en su caso, en la memoria de verificación actualizada. Dicho análisis deberá incluir además una comparación con los datos históricos de la titulación.

En el supuesto de que los resultados de los indicadores no alcanzaran los valores previstos en la memoria de verificación del título, el informe elaborado por la CGCC deberá proponer una serie de acciones de mejora para solucionar los problemas detectados, que deberá ser formalizada en el plan de mejora que apruebe el Centro.

A la vista de los resultados del autoinforme que se genere, el Decano/Director propondrá el plan de mejora definitivo para el título, que deberá ser aprobado por la Junta de Centro.

### INDICADORES

<b>ID</b>	<b>DENOMINACIÓN</b>	<b>TIPO</b>
1.1	TASA DE OCUPACIÓN	Troncal
1.1.1	ESTUDIANTES DE NUEVO INGRESO EN EL TÍTULO	Complementario
1.1.2	OFERTA	Complementario
1.2	DEMANDA	Troncal
1.3	NOTA MEDIA DE INGRESO	Auxiliar
1.4	NOTA DE CORTE Ó NOTA MÍNIMA DE ADMISIÓN	Auxiliar
1.5	Nº TOTAL DE ALUMNOS MATRICULADOS	Auxiliar
1.6	TASA DE RENDIMIENTO DEL TÍTULO	Troncal
1.7	TASA DE ÉXITO DEL TÍTULO	Troncal
1.8	TASA DE EFICIENCIA DEL TÍTULO	Troncal
1.9	TASA DE GRADUACIÓN DEL TÍTULO	Troncal
1.10	NÚMERO DE EGRESADOS POR CURSO	Auxiliar
1.11	TASA DE ABANDONO DEL TÍTULO	Troncal



## 9.- SISTEMA DE GARANTÍA DE CALIDAD DEL TÍTULO

Sistema de Garantía de Calidad de los Títulos Oficiales de la Universidad de Sevilla.  
Se detalla un enlace donde figura la última versión aprobada por el Consejo de Gobierno de esta Universidad.

El sistema de garantía de calidad se detalla en el siguiente enlace:

<http://at.us.es/sist-garantia-calidad-titulos>

**10.- CALENDARIO DE IMPLANTACIÓN**

**10.1.- CRONOGRAMA DE IMPLANTACIÓN DE LA TITULACIÓN**

-2016-2017. Inicio del desarrollo de planes de estudio  
 la memoria fue informada favorablemente por los correspondientes Órganos de Gobierno de las dos universidades, en respectivas sesiones celebradas a lo largo del mes de Diciembre de 2019.  
 -2020. Estudio y evaluación por la DEVA. Autorización de implantación por la Comunidad Autónoma  
 -2021-2022. Inicio de los estudios de máster en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas

<b>10.1.1.- CURSO DE IMPLANTACIÓN DE LA TITULACIÓN</b>	<b>2021-2022</b>
--	------------------

**10.1.2.- JUSTIFICACIÓN DEL CRONOGRAMA DE IMPLANTACIÓN DE LA TITULACIÓN**

Estos son los plazos habituales, el calendario propuesto es el necesario para conseguir que la Facultad de Biología de la Universidad de Sevilla y la Universidad Internacional de Adalucía puedan ofertar estudios de posgrado y dependerá de la fecha de evaluación positiva, en su caso, por parte de la DEVA y de la autorización de implantación por parte de la Comunidad Autónoma.

**10.2.- PROCEDIMIENTO DE ADAPTACIÓN DE LOS ESTUDIANTES DE LOS ESTUDIOS EXISTENTES AL NUEVO PLAN DE ESTUDIOS, EN SU CASO.**

No procede

**10.3.- ENSEÑANZAS QUE SE EXTINGUEN POR LA IMPLANTACIÓN DEL TÍTULO PROPUESTO**

No procede

