

CURRICULUM VITÆ

DATOS PERSONALES

Nombre: Rodrigo Santamaría Vicente

Web personal: <http://vis.usal.es/~rodrigo>

Correo electrónico: rodri@usal.es

SITUACIÓN PROFESIONAL

Categoría: Profesor Titular de Universidad

Inicio: febrero de 2016

Organismo: Universidad de Salamanca

Centro: Facultad de Ciencias

Departamento: Informática y Automática

Dirección: C/ del Parque 1, 37008, Salamanca,
España

Sexenios de investigación: 2 (2005-2010, 2011-
2016)

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Bioinformática

Minería de datos

Visualización de la información

Analítica visual

FORMACIÓN ACADÉMICA

Doctor en Informática

Universidad de Salamanca

30 de octubre 2009

Ingeniero en Informática

Universidad de Salamanca

4 de marzo de 2004

ACTIVIDADES ANTERIORES

Categoría: Profesor Contratado Doctor
Periodo: septiembre de 2015–febrero de 2016
Organismo: Universidad de Salamanca
Centro: Facultad de Ciencias

Categoría: Profesor Ayudante Doctor
Periodo: septiembre de 2010–septiembre de 2015
Organismo: Universidad de Salamanca
Centro: Facultad de Ciencias

Categoría: Investigador postdoctoral (orden EDU/2934/2009)
Periodo: mayo de 2010–septiembre de 2010
Organismo: Ministerio de Educación
Centro: European Bioinformatics Institute (EBI)

Categoría: Personal Investigador en Formación (orden EDU/1453/2005)
Periodo: junio de 2006–mayo de 2010
Organismo: Junta de Castilla y León
Centro: Universidad de Salamanca

Categoría: Becario Artículo 83 LOU
Periodo: 2004–2006
Organismo: Consejo de Seguridad Nuclear
Centro: Universidad de Salamanca

IDIOMAS

Español (lengua materna)
Inglés (fluido)
Francés (básico)
Italiano (básico)

INVESTIGACIÓN

h-index (Scopus, eliminando autocitas): 11

h-index (Google Scholar): 13

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8581-8332>

ResearcherID: [L-7308-2014](https://orcid.org/0000-0002-8581-8332)

Scopus Author ID: [23475345700](https://orcid.org/0000-0002-8581-8332)

PUBLICACIONES RELEVANTES

Santamaría, R., Therón, R., Durán, L., García, A., González, S., Sánchez, M. and Antequera, F. Genome-wide search of nucleosome patterns using visual analytics. *Bioinformatics*. **2018** <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty971>

Alonso-López, D., Gutiérrez, M. A., Lopes, K. P., Prieto, C., Santamaría, R., and De Las Rivas, J. APID interactomes: providing proteome-based interactomes with controlled quality for multiple species and derived networks. *Nucleic Acids Research*, **2016**, 44(W1), W529–W535.

S. Terawaki, V. Camosseto, F. Prete, T. Wenger, A. Papadopoulos, C. Rondeau, A. Combes, C. Rodriguez-Rodrigues, T.P. Vu Manh, M. Fallet, L. English, R. Santamaría, A. R. Soares, T. Weil, et al. RUN and FYVE domain-containing protein 4 enhances autophagy and lysosome tethering in response to Interleukin-4. *The Journal of Cell Biology*, **2015**, 210(7), 1133–1152.

R. Santamaría, R. Therón and L. Quintales. BicOverlapper 2.0: visual analysis for gene expression, *Bioinformatics*, **2014**, 30(9), 1785–1786.

R. Santamaría and P. Pierre. Voronto: mapper of expression data to ontologies, *Bioinformatics*, **2012**, 28(17), 2281–2282.

J. Paredes, L. Carreto, J. Simes, A. R. Bezerra, A. C. Gomes, R. Santamaria, M. Kapushesky, G. Moura, and M. Santos. Low level genome mis-translations deregulate the transcriptome and translome and generate proteotoxic stress in yeast. *BMC Biology* **2012**, 10:55

R. Santamaría, L. Rizzetto, M. Bromley, T. Zelante, W. Lee, D. Cavalieri, L. Romani, B. Miller, I. Gut, M. Santos, P. Pierre, P. Bowyer, M. Kapushesky. Systems biology of infectious diseases: a focus on fungal infections, *Immunobiology*, **2011**, 216:11, 1212–1227.

R. Santamaría, and R. Therón. Treevolution: visual analysis of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, **2009**, *25*, 1970–1971

R. Santamaría, R. Therón and L. Quintales. A visual analytics approach for understanding bi-clustering results from microarray data. *BMC Bioinformatics*, **2008**, *9*

R. Santamaría, R. Therón and L. Quintales. Bi-cOverlapper: A tool for bicluster visualization *Bioinformatics*, **2008**, *24*, 1212–1213

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

Nombre: Regulación genómica mediante posicionamiento nucleosomal.

Programa: Programa estatal de investigación científica y técnica de excelencia.

Investigador principal: Francisco Antequera.

Contribución: miembro de equipo.

Ámbito: nacional.

Cuantía: 269.830 €

Periodo: 2018–2021.

Código: BFU2017-89622-P.

Nombre: PROVIDEDH-PROgressive Visual DEcision-Making in Digital Humanities.

Programa: Programa estatal de investigación, desarrollo e innovación orientada a los retos de la sociedad.

Investigador principal: Roberto Therón

Contribución: miembro de equipo.

Ámbito: nacional.

Cuantía: 154.000 €

Periodo: 2018–2020.

Código: PCIN-2017-064.

Nombre: Determinantes del posicionamiento nucleosomal e ingeniería de la cromatina.

Programa: Programa estatal de investigación científica y técnica de excelencia.

Investigador principal: Francisco Antequera.

Contribución: miembro de equipo.

Ámbito: nacional.

Cuantía: 350.900 €

Periodo: 2015–2017.

Nombre: Visualización Diacrónica y Validación Interactiva: CDH inteligente.
Investigador principal: Roberto Therón.
Contribución: miembro de equipo.
Ámbito: nacional.
Cuantía: 59.290 €
Periodo: 2011–2013.

Nombre: Sybaris: Finding Biomarkers of Anti-Microbial Drug Resistance via a Systems Biology Analysis of Fungal Pathogen Interactions with the Human Immune System.
Programa: EU 7th Frame Project.
Investigador principal: Misha Kapushesky.
Contribución: miembro de equipo.
Ámbito: internacional.
Cuantía: 4.291.161 €
Periodo: 2009–2013.
Código: 242220.

OTROS MÉRITOS

Desarrollo de la herramienta Voronto para análisis genómico funcional.

<http://vis.usal.es/voronto>

Desarrollo de la herramienta BicOverlapper para análisis de expresin genómica.

<http://vis.usal.es/bicoverlapper2>

Desarrollo de la herramienta Treevolution para análisis de árboles filogenéticos.

<http://vis.usal.es/treevolution>

Desarrollo del paquete *biclust* para el proyecto Cran-R en colaboración con Sebastian Kaiser (Universidad de Munich).

<http://cran.r-project.org/web/packages/biclust>

Premio extraordinario de grado por la tesina *Galea: analizador experto de líneas gamma*

Primer premio en el *14th Annual Graph Drawing Contest, Social Network Category*, del 2007 Graph Symposium (Sydney, Australia).

Revisor habitual para las revistas *Bioinformatics*, *BMC Bioinformatics* y *Nucleic Acids Research*, entre otras.

DOCENCIA

Área: Ciencia de la Computación e Inteligencia Artificial.

Especialidades: Bioinformática y Sistemas Distribuidos.

Director del **Diploma Experto en Bioinformática y Genómica Computacional**.

ASIGNATURAS IMPARTIDAS

Sistemas Distribuidos (6 créditos teóricos, 9 créditos prácticos). Grado en Ingeniería Informática. 2010/2011-

Sistemas de Información Orientados a Servicios (6 créditos teórico-prácticos). Máster Universitario en Ingeniería Informática. 2014/2015-

Informática Biomédica (3 créditos teóricos, 9 créditos prácticos). Máster Universitario en Ingeniería Informática. 2014/2015-

OTRAS ASIGNATURAS

Informática I. Grado en Estadística. 2017-2018

Bioinformática. Licenciatura en Biotecnología. 2011-2012

Computadores I. Grado en Ingeniería Informática. (6 créditos prácticos). 2010/2011

Computadores II Grado en Ingeniería Informática. (6 créditos prácticos). 2010/2011

Ampliación de Sistemas Operativos Grado en Ingeniería Informática. (4.5 créditos prácticos). 2010/2011

Sistemas Informáticos Grado en Ingeniería Informática. (6 créditos prácticos). 2008/2009, 2009/2010

March 1, 2021