

# Luigui Gallardo-Becerra

BIOINFORMÁTICO Y CIENTÍFICO DE DATOS

☎ +1 619 602 0725 | ✉ luiguimichelgallardo@gmail.com | 🌐 www.lmgbyx | 📱 LuiguiGallardo | 🌐 luiguigallardo

*Bioinformático y Científico de Datos en busca de nuevos desafíos para aplicar y expandir mis habilidades. En los últimos años, he participado en diferentes proyectos utilizando tecnologías genómicas modernas (NGS), análisis de datos y ciencia de datos, para obtener nueva información biológica que ha culminado en diversas publicaciones científicas.*

## Experiencia de investigación

### Estudiante de Doctorado en Ciencias Bioquímicas (Bioinformática)

*Instituto de Biotecnología, UNAM*

*Enero 2019 - Actual*

Participé en diversos proyectos de investigación, desde la obtención o creación de los datos hasta la elaboración del informe final o la publicación. Las tareas que llevé a cabo incluyen lo siguiente::

- Gestión de proyectos de investigación: participé en la creación de objetivos principales y secundarios, así como en la formulación de preguntas de investigación para obtener información biológica innovadora para la comunidad científica.
- Gestión de servidores (HPC): administré el servidor del laboratorio, instalé sistemas operativos Linux y software/paquetes específicos, evité ralentizaciones del servidor y creé entornos de servidor seguros.
- Creación de pipelines: diseñé pipelines para evitar flujos de trabajo repetitivos y realizar análisis reproducibles utilizando bash, Python y Snakemake.
- Desarrollo de software: creé varias herramientas de software para resolver y alcanzar objetivos específicos utilizando bash, Python, Perl y R.
- Creación de gráficos: utilizando R, Rstudio, Jupyter Notebooks, Excel, Graphpad y Tableau.
- Mantenimiento del control de versiones (CI/CD): creación y mantenimiento de repositorios en GitHub y su control de versiones continuo.
- Elaboración de informes/publicaciones: utilizando Markdown y Word, entregué informes semanales y semestrales a los miembros del laboratorio. Además, participé como coautor en publicaciones revisadas por pares altamente citadas en sus respectivas áreas.
- Presentaciones al público general y en eventos académicos: participé en la divulgación científica, seminarios especializados y congresos.

## Educación

### Universidad Nacional Autónoma de México

DOCTORADO EN CIENCIAS BIOQUÍMICAS

*Cuernavaca, Mor., México*

*Enero 2019 - Actual*

### Universidad Nacional Autónoma de México

MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOQUÍMICAS

*Cuernavaca, Mor., México*

*Agosto 2016 - Diciembre 2018*

### Universidad de Guadalajara

LICENCIATURA EN BIOLOGÍA

*Guadalajara, México*

*Agosto 2012 - Enero 2016*

## Experiencia Docente

- Profesor invitado en la Universidad de La Sabana (Chia, Colombia). Diciembre, 2023.
- Simposio Microbiota de la teoría a la práctica clínica, Colegio de Profesionales de la Nutrición de Querétaro y el Bajío. Junio, 2021.
- Taller de Bioinformática e Investigación Reproducible del Posgrado en Ciencias Biológicas de la UNAM. Octubre, 2019.
- Profesor invitado Centro de Ciencias Genómicas, UNAM. Agosto, 2018.

## Tesis dirigidas

---

- Licenciatura: Itzel Abigail Hernández Reyna, Licenciatura en Nutrición (Universidad Autónoma del Estado de Morelos). “Impacto de los bacteriófagos asociados a la obesidad infantil en el metagenoma intestinal”

## Habilidades

---

- Puedo trabajar en equipo o de forma independiente con excelentes habilidades de comunicación.
- Aprendo rápido y soy capaz de adaptarse a nuevas tecnologías.
- Excelentes capacidades para la resolución de problemas.
- Puedo manejar una carga de trabajo significativa o varios proyectos de diferentes áreas al mismo tiempo.

## Lenguajes de programación, herramientas y habilidades bioinformáticas:

---

- Lenguajes de programación: Python, C#, R, SQL, Bash, HTML & CSS, JavaScript
- Web frameworks: Django, ASP.NET, React
- Otras herramientas: Computación de alto rendimiento (HPC), Linux, Docker, Nextflow, Snakemake, Jupyter Notebooks, Rstudio, MySQL, PostgreSQL
- Habilidades bioinformáticas: perfilamiento de 16S rRNA, ensamblado y anotación de genoma y transcriptoma, Metagenómica, Metatranscriptómica, Virómica

## Lenguajes

---

- Español
- Inglés

## Publicaciones

---

1. Gallardo-Becerra, L., Cervantes-Echeverría, M., Cornejo-Granados, F., Vazquez-Morado, L. E., & Ochoa-Leyva, A. (2023). Perspectives in Searching Antimicrobial Peptides (AMPs) Produced by the Microbiota. *Microbial Ecology*, 87(1), 8. <https://doi.org/10.1007/s00248-023-02313-8>
2. Gallardo-Becerra, L., Cornejo-Granados, F., García-López, R., Valdez-Lara, A., Bikel, S., Canizales-Quinteros, S., López-Contreras, B. E., Mendoza-Vargas, A., Nielsen, H., & Ochoa-Leyva, A. (2020). Metatranscriptomic analysis to define the Secrebiome, and 16S rRNA profiling of the gut microbiome in obesity and metabolic syndrome of Mexican children. *Microbial Cell Factories*, 19(1), 61. <https://doi.org/10.1186/s12934-020-01319-y>
3. Bikel, S., Gallardo-Becerra, L., Cornejo-Granados, F., & Ochoa-Leyva, A. (2022). Protocol for the isolation, sequencing, and analysis of the gut phageome from human fecal samples. *STAR Protocols*, 3(1), 101170. <https://doi.org/10.1016/j.xpro.2022.101170>
4. Bikel, S., López-Leal, G., Cornejo-Granados, F., Gallardo-Becerra, L., García-López, R., Sánchez, F., Equihua-Medina, E., Ochoa-Romo, J. P., López-Contreras, B. E., Canizales-Quinteros, S., Hernández-Reyna, A., Mendoza-Vargas, A., & Ochoa-Leyva, A. (2021). Gut dsDNA virome shows diversity and richness alterations associated with childhood obesity and metabolic syndrome. *iScience*, 24(8), 102900. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2021.102900>
5. Cervantes-Echeverría, M., Gallardo-Becerra, L., Cornejo-Granados, F., & Ochoa-Leyva, A. (2023). The Two-Faced Role of crAssphage Subfamilies in Obesity and Metabolic Syndrome: Between Good and Evil. *Genes*, 14(1), Article 1. <https://doi.org/10.3390/genes14010139>
6. Chino de la Cruz, C. M., Cornejo-Granados, F., Gallardo-Becerra, L., Rodríguez-Alegría, M. E., Ochoa-Leyva, A., & López Munguía, A. (2023). Complete genome sequence and characterization of a novel *Enterococcus faecium* with probiotic potential isolated from the gut of *Litopenaeus vannamei*. *Microbial Genomics*, 9(3), 000938. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000938>
7. Cornejo-Granados, F., Gallardo-Becerra, L., Leonardo-Reza, M., Ochoa-Romo, J. P., & Ochoa-Leyva, A. (2018). A meta-analysis reveals the environmental and host factors shaping the structure and function of the shrimp microbiota. *PeerJ*, 6, e5382. <https://doi.org/10.7717/peerj.5382>
8. Cornejo-Granados, F., Lopez-Zavala, A. A., Gallardo-Becerra, L., Mendoza-Vargas, A., Sánchez, F., Vichido, R., Brieba, L. G., Viana, M. T., Sotelo-Mundo, R. R., & Ochoa-Leyva, A. (2017). Microbiome of Pacific Whiteleg shrimp reveals differential bacterial community composition between Wild, Aquacultured and AHPND/EMS outbreak conditions. *Scientific Reports*, 7(1), 11783. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-11805-w>

9. Jatuyosporn, T., Laohawutthichai, P., Romo, J. P. O., Gallardo-Becerra, L., Lopez, F. S., Tassanakajon, A., Ochoa-Leyva, A., & Krusong, K. (2023). White spot syndrome virus impact on the expression of immune genes and gut microbiome of black tiger shrimp *Penaeus monodon*. *Scientific Reports*, 13(1), Article 1. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-27906-8>
10. Ochoa-Romo, J. P., Cornejo-Granados, F., Lopez-Zavala, A. A., Viana, M. T., Sánchez, F., Gallardo-Becerra, L., Luque-Villegas, M., Valdez-López, Y., Sotelo-Mundo, R. R., Cota-Huizar, A., López-Munguia, A., & Ochoa-Leyva, A. (2022). Agavin induces beneficial microbes in the shrimp microbiota under farming conditions. *Scientific Reports*, 12(1), Article 1. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-10442-2>
11. Palomino-Hermosillo, Y. A., Berumen-Varela, G., Ochoa-Jiménez, V. A., Balois-Morales, R., Jiménez-Zurita, J. O., Bautista-Rosales, P. U., Martínez-González, M. E., López-Guzmán, G. G., Cortés-Cruz, M. A., Guzmán, L. F., Cornejo-Granados, F., Gallardo-Becerra, L., Ochoa-Leyva, A., & Alia-Tejacal, I. (2022). Transcriptome Analysis of Soursop (*Annona muricata* L.) Fruit under Postharvest Storage Identifies Genes Families Involved in Ripening. *Plants*, 11(14), 1798. <https://doi.org/10.3390/plants11141798>