

CURRICULUM VITAE

Doctor europeo en biología (genética)

Fernando Gómez-Romano

07011 Palma de Mallorca (España)

(+34) 661 38 11 70 gomez.romano@gmail.com

EXPERIENCIA LABORAL RECIENTE

2018 – Investigador y Data Manager en Plataforma Biobanco Pulmonar (CIBERES).

Principales responsabilidades:

- Gestión BBDD clínicas del Biobanco Pulmonar CIBERES.
- Coordinación y participación proyectos de I + D.
- Análisis de datos de las BBDD del Biobanco Pulmonar CIBERES.
- Auditoría y sistema de gestión de calidad

2016 – 2017 Técnico especialista en acuicultura. Departamento de I+D, Acuicultura Balear SAU. Grupo Culmarex (Palma de Mallorca).

Principales responsabilidades:

- Gestión del programa mejora genética de dorada y lubina.
- Coordinación y gestión de proyectos del departamento de I+D: aspectos técnicos y presupuestarios.
- Desarrollo y justificación de proyectos de I+D.
- Análisis de datos genotípicos y fenotípicos.
- Muestreo de stocks comerciales y experimentales.

2010 – 2015 Titulado superior de actividades técnicas y profesionales (PhD), INIA.

Principales responsabilidades:

- Desarrollo e implementación de métodos de gestión genética de poblaciones para el mantenimiento de diversidad.
- Análisis y gestión de bases de datos genómicos masivos.
- Desarrollo de software para la gestión genética de poblaciones.
- Formación de becarios.
- Desarrollo y justificación de Proyectos de I+D.

FORMACIÓN Y EXPERIENCIA INVESTIGADORA

2015 Doctorado en biología con mención europea, Universidad Complutense de Madrid. *Gestión de diversidad genética en programas de conservación mediante datos de genotipado masivo*. Grupo de Métodos en programas de selección y conservación, INIA.

Supervisores: Dr. Jesús Fernández Martín and Dr. Beatriz Villanueva Gaviña

2013 Estancia de colaboración en Division of Livestock Science, University of Natural Resources and Life Sciences (BOKU), Viena (Austria). Supervisor: Professor Johann Sölkner (3 meses).

2012 Estancia de colaboración en Division of Genetics and Genomics, Roslin Institute, Edimburgo (Reino Unido). Supervisor: Dr. Ricardo Pong-Wong (3 meses).

2009 Máster en Biología aplicada a la conservación de recursos naturales, Universidad de Oviedo. Tesis de máster: Análisis genético del género *Patella spp.* en las costas asturianas.

2006 – 2009 Becario de colaboración en el Departamento de Biología Funcional, Instituto de biotecnología de Asturias (IUBA) Universidad de Oviedo.

PUBLICACIONES CIENTÍFICAS

- GÓMEZ-ROMANO F, SÖLKNER J, VILLANUEVA B, MESZAROS G, DE CARA MAR, PÉREZ O'BRIEN AM AND FERNÁNDEZ J. The use of identical by descent segments for maintaining genetic diversity (2016). *Journal of Animal Breeding and Genetics* 133:357-365.
- GÓMEZ-ROMANO F, VILLANUEVA B, FERNÁNDEZ J, WOOLLIAMS JA AND PONG-WONG R. The use of genomic coancestry matrices in the optimisation of contributions for maintaining genetic diversity at specific regions of the genome (2016). *Genetics Selection Evolution* 48:2.
- FERNÁNDEZ J, TORO MA, GÓMEZ-ROMANO F AND VILLANUEVA B (2015). Use of genomic resources in enhanced conservation programs. *Animal frontiers* 6:59-64.
- GÓMEZ-ROMANO F, VILLANUEVA B, DE CARA MAR AND FERNÁNDEZ J (2013). Maintaining genetic diversity using molecular coancestry: the effect of marker density and effective population size. *Genetics Selection Evolution* 45:38-45.
- MARTÍNEZ-PÁRAMO, PÉREZ-CEREZALES S, GÓMEZ-ROMANO F, BLANCO G, SÁNCHEZ JA AND HERRÁEZ MP (2009). *Cryobanking as tool for conservation of biodiversity: Effect of brown trout sperm cryopreservation on the male genetic potential*. *Theriogenology*, 71: 594-604.

INTERESES EN INVESTIGACIÓN

- Analizar grandes bases de datos procedentes de NGS para la integración de diferentes fuentes de información biológica.
- Desarrollar métodos de análisis para grandes bases de datos NGS.
- Cuantificación de la diversidad dentro y entre poblaciones.
- Inferencia estadística.
- GWAS

PARTICIPACIÓN EN PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

- *Optimización de muestras de tejidos para el desarrollo y la validación de biomarcadores de enfermedad: OPTIMARK*. Instituto de Salud Carlos III.
- *PT17/0015/0001, Plataforma Red Nacional de Biobancos*. Instituto de Salud Carlos III.
- *Gestión y análisis de la diversidad en poblaciones estructuradas en los ámbitos de la conservación de recursos genéticos y la mejora genética: Estudios teóricos*. MICINN (Ministerio de Ciencia e Innovación).
- *Estimación del impacto de la selección y la consanguinidad sobre la diversidad genética utilizando herramientas genómicas*. MICINN (Ministerio de Ciencia e Innovación).
- *Análisis genéticos de trucha común en varias cuencas de la provincia de León*. Consejería de Medio Ambiente de la Junta de Castilla y León.
- *Optimización del cultivo intensivo de la almeja e identificación de marcadores genéticos para el seguimiento de las repoblaciones*. Consejería de Medio rural y Pesca del Principado de Asturias.

PARTICIPACIÓN EN PROYECTOS DE I+D

- *Programa de selección genética para mejora de crecimiento en dorada (Sparus aurata, L.): evaluación del progreso genético obtenido*. CDTI (Ministerio de economía industria y competitividad). Organizaciones participadoras: Aquicultura Balear SAU, GENEQUA, INIA.
- *Implementación de herramientas genómicas, morfométricas y epigenéticas para la mejora del cultivo de lubina (Dicentrarchus labrax L.)*. CDTI (Ministerio de Economía, Industria y Competitividad). Organizaciones participadoras: Aquicultura Balear SAU, GENEQUA, AquaGen, CSIC (IMEDEA y GBR) y TROVAN.

PARTICIPACIONES EN CONGRESOS

- GÓMEZ-ROMANO F, SÖLKNER J, VILLANUEVA B, MÉSZÁROS G, DE CARA MAR, PÉREZ O'BRIEN AM AND FERNÁNDEZ J (2014). *Genomic estimates of inbreeding and coancestry in Austrian Brown Swiss cattle*. 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, August 17-22, Vancouver.
- GÓMEZ-ROMANO F, VILLANUEVA B, FERNÁNDEZ J, WOOLLIAMS JA AND PONG-WONG R (2014). *The use of genomic coancestry matrices in the optimization of contributions for maintaining diversity at specific regions of the genome*. 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, August 17-22, Vancouver.
- GÓMEZ-ROMANO F, VILLANUEVA B, DE CARA MAR, FERNÁNDEZ J (2013). *Mantenimiento de la diversidad genética mediante el parentesco molecular*. XV Jornadas sobre producción animal, May 14-15, Zaragoza.
- GÓMEZ-ROMANO F, VILLANUEVA B, DE CARA MAR, FERNÁNDEZ J (2012). *Maintaining genetic diversity using molecular coancestry: the effect of marker density and effective population size*. XIV Reunión nacional de mejora genética animal, May 31-June 2, Ciutadella (Menorca).
- GÓMEZ-ROMANO F, VILLANUEVA B, DE CARA A, FERNÁNDEZ, J (2012). *The benefit of using molecular coancestry in the management of populations under conservation and its dependency on effective population size and marker density*. 4th International Conference on Quantitative Genetics, June 17-22, Edinburgh, UK.
- BORRELL Y, GÓMEZ-ROMANO F, VÁZQUEZ E, BLANCO G, SÁNCHEZ PRADO JA (2010). *DNA BARCODING AND PHYLOGENY OF PATELLIDS FROM ASTURIAS (NORTHERN SPAIN)*. TOOLS FOR IDENTIFYING BIODIVERSITY: PROGRESS AND PROBLEMS, 20-22 SEPTEMBER, PARIS, FRANCE.
- HERRAEZ P, MARTÍNEZ-PÁRAMO S, PÉREZ-CEREZALES S, GÓMEZ-ROMANO F, BLANCO G, SÁNCHEZ, JA (2007). *Cryo-banking as a tool for conservation of endangered species: effect of trout sperm cryopreservation on the male genetic potential*. Aquaculture Europe, 24-27 October, Istanbul, Turkey.

ACTIVIDADES DE DESARROLLO PROFESIONAL

2020	Desarrollo web para comercio electrónico (IFCD022PO, 150h). Grupo FEMXA.
2019	Implantación de aplicaciones web en entornos internet, intranet y extranet (MF0493_3, 160h). Ibecon Formación.
2019	Auditor interno de calidad ISO 9001:2015 (45h). Bureau Veritas.
2019	SNOMED CT Foundation course. SNOMED International.
2018	Data scientist with python. Datacamp Inc.
2018	Quantitative analyst with R. Datacamp Inc.
2017	SQL for Data Science. Datacamp Inc.
2016	Campus Gutenberg Meeting de comunicación científica y divulgación 2016. UPF Barcelona Escuela de Gestión.
2011	XXI Curso Internacional en Mejora Genética Animal, INIA (Ministerio de Ciencia e Innovación).
2011	Curso de análisis genético en caracteres complejos, Departamento de ciencia animal y alimentación, UAB.
2008 – 2010	Fundador, desarrollador de código y administrador de TEINS CB, empresa dedicada al desarrollo y mantenimiento de software de gestión para negocios.
2005	Prácticas en el Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario del Principado de Asturias (SERIDA), Centro de Selección y Mejora Animal (3 meses).

BECAS

- Beca FPI del Ministerio de Educación (2010)
- Becas de colaboración de la Universidad de Oviedo (2007 y 2008).
- Beca para estancia de colaboración (FPI) del Ministerio de Educación (2012)
- Beca para estancia de colaboración (FPI) del Ministerio de Educación (2013)

IDIOMAS

NIVEL

Español	Nativo
Inglés	Intermedio-alto (B2: FCE)
Alemán	Intermedio (B1: ZD)

INFORMÁTICA

NIVEL

Lenguajes de programación

Fortran	Avanzado
R	Avanzado
SQL	Medio
Python	Medio
JavaScript	Bajo

Lenguajes web

HTML	Medio
CSS	Medio

Bases de Datos

MongoDB	Medio
MySQL	Medio

Software estadístico

SPSS	Medio
------	-------

Sistemas operativos

Linux (terminal y escritorio)	Medio
Windows	Medio

Software de análisis genético

Plink, STRUCTURE, Arlequin, BAPS, SAMOVA	Medio
--	-------

Edición gráfica

Photoshop	Medio
Gimp	Bajo
Inkscape	Medio

Paquetes ofimáticos

Office (Excel, Word, Access y Powerpoint)	Avanzado
OpenOffice (Writer, Calc, Base y Impress)	Avanzado

EXPERIENCIA EN LABORATORIO

Genotipado de electroforesis capilar (ABI-Prism genetic analyser, App Biosystems)
PCR
RT-PCR
Electroforesis
Extracción de ADN y ARN

SEMINARIOS

- Estructura genética y conservación de poblaciones de trucha común (*Salmo trutta* L.) en la provincia de León (4/3/2011)
- Mantenimiento de diversidad genética mediante el parentesco molecular: influencia del censo efectivo y la densidad de SNPs (5/2/2013)

- The use of genomic coancestry matrices in the optimization of contributions for maintaining diversity at specific regions of the genome (20/3/2014)
- Gestión de la diversidad genética en programas de conservación utilizando datos de genotipado masivo (29/5/2015)