

Fecha del CVA

06/02/2020

## Parte A. DATOS PERSONALES

Nombre y Apellidos	Fernando Gómez Romano		
DNI	71655604R	Edad	37
Núm. identificación del investigador	Researcher ID		
	Scopus Author ID		
	Código ORCID	0000-0003-2261-1163	

### A.1. Situación profesional actual

Organismo	CONSORCIO CENTRO DE INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA EN RED, M.P. (CIBER)		
Dpto. / Centro	PLATAFORMA BIOBANCO PULMONAR CIBERES / HOSPITAL UNIVERSITARIO SON ESPASES		
Dirección			
Teléfono	661381170	Correo electrónico	<a href="mailto:gomez.romano@gmail.com">gomez.romano@gmail.com</a>
Categoría profesional	Investigador postdoctoral	Fecha inicio	2018
Espec. cód. UNESCO	320104 - Patología clínica		
Palabras clave			

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

Licenciatura/Grado/Doctorado	Universidad	Año
Doctor en Biología molecular	Universidad Complutense de Madrid	2015
Diploma de estudios avanzados	Universidad de Oviedo	2009
Tesis de Grado de Licenciatura (modalidad Tesina)	Universidad de Oviedo	2007
Licenciado en Biología Opción Biología Fundamental y Biotecnología.	Universidad de Oviedo	2006

### A.3. Indicadores generales de calidad de la producción científica

## Parte B. RESUMEN LIBRE DEL CURRÍCULUM

Poseo una sólida experiencia en el análisis y la gestión de grandes conjuntos de datos genómicos masivos (chips de SNP y secuencias NGS) y las herramientas estadísticas relacionadas (optimización, estadística descriptiva, análisis bayesiano) adquirida mediante mi participación en diferentes proyectos de investigación, como puede verse en mi CV. He desarrollado métodos computacionales para analizar y gestionar grandes bases de datos genómicos en poblaciones animales. También estoy familiarizado con el análisis filogenético, estructuración genética, fuentes de variación genética y la simulación estocástica de genomas en poblaciones naturales y de interés económico.

Para llevar a cabo estos estudios bioinformáticos me fue de mucha utilidad mi experiencia previa en programación en lenguaje Python y SQL, desarrollada durante una etapa laboral anterior en la que fundé junto a un socio ingeniero informático una empresa de desarrollo de software de gestión para empresas (TEINAS, CB). En esta etapa además de ganar experiencia en programación y gestión de bases de datos, llevé a cabo labores de coordinación de proyectos y de elaboración y gestión de presupuestos.

Como herramientas bioinformáticas domino varios lenguajes de programación (Fortran 90, R, Python y Perl), el uso de scripts y del conjunto de herramientas Plink para la gestión y el análisis de datos genómicos tanto en entornos Windows como UNIX (terminal y escritorio). También

estoy familiarizado con la programación paralela para la división de problemas complejos en lotes y con software específico de análisis genético como STRUCTURE, SAMOVA, etc.

Poseo experiencia en técnicas de laboratorio molecular como extracción de ADN y ARN, diseño de primers, PCR, PCR cuantitativa, electroforesis y secuenciación por electroforesis capilar.

Una de mis últimas experiencias laborales ha sido en una empresa multinacional de acuicultura, gestionando su programa de mejora genética con criterios genómicos. En este período pude aumentar mi experiencia en tareas propias de proyectos de gran tamaño participando en la planificación, gestión y desarrollo de dos proyectos nacionales de I + D (por importe de 2 millones de €), con el objetivo de aplicar la genómica a la acuicultura. Sin embargo, esta experiencia profesional me ha servido para decidir que mi objetivo es retomar una carrera de investigación pues estoy interesado en el desarrollo de proyectos cuyo interés va más allá del puramente comercial.

Mis intereses de investigación se centran en el análisis de conjuntos de datos genómicos masivos en diferentes áreas de la genética de poblaciones. También estoy muy interesado en estudios de asociación de genoma completo (GWAS) y métodos relacionados, especialmente aplicados a la interacción genotipo-fenotipo y epigenética.

Recientemente me he incorporado a la Plataforma Biobanco Pulmonar CIBERES, donde ayudo a la coordinación de su actividad y gestiono su base de datos. Como miembro de la Red Nacional de Biobancos, participo en su programa de calidad de datos y de interoperabilidad semántica, colaborando también con el Centro Nacional de Referencia de SNOMED CT para España, de la Subdirección General de Información Sanitaria del Ministerio de Sanidad, Consumo y Bienestar Social.

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

### **C.1. Publicaciones**

- 1 **Artículo científico.** Gómez-Romano F; et al. 2016. The use of identical by descent segments for maintaining genetic diversity Journal of Animal Breeding and Genetics. 133, pp.357-365.
- 2 **Artículo científico.** Gómez-Romano F; et al. 2016. The use of genomic coancestry matrices in the optimisation of contributions for maintaining genetic diversity at specific regions of the genome Genetics Selection Evolution. 48, pp.2.
- 3 **Artículo científico.** Fernández J; et al. 2015. Use of genomic resources in enhanced conservation programs Animal frontiers. 6, pp.59-64.
- 4 **Artículo científico.** Gómez-Romano F; et al. 2013. Maintaining genetic diversity using molecular coancestry: the effect of marker density and effective population size Genetics Selection Evolution. 45, pp.38-45.
- 5 **Artículo científico.** Martínez-Páramo S; et al. 2009. Cryobanking as tool for conservation of biodiversity: Effect of brown trout sperm cryopreservation on the male genetic potential Theriogenology. 71, pp.594-604.
- 6 **Artículo científico.** Esteve-Socias M; et al. (5/2). Impacto of different stabilization methods on RT-qPCR results using human lung tissue samples Scientific Reports. Springer Nature.

### **C.2. Proyectos**

- 1 PT13/0015/0001, Plataforma Red Nacional de Biobancos Instituto de Salud Carlos III. Cristina Villena Portella. (CIBER ENFERMEDADES RESPIRATORIAS (CIBERES)). 01/01/2018-31/12/2020. 597.300 €. Miembro de equipo.
- 2 PI16/00528, Optimización de muestras de tejidos para el desarrollo y la validación de biomarcadores de enfermedad: OPTIMARK Instituto de Salud Carlos III. Cristina Villena Portella. (Hospital Universitario Son Espases). 01/01/2017-31/12/2019. 24.805 €. Miembro de equipo.

- 3 PT13/0010/0030, Plataforma Red Nacional de Biobancos Instituto de Salud Carlos III. Cristina Villena Portella. (CIBER ENFERMEDADES RESPIRATORIAS (CIBERES)). 2014-2017. 224.000 €. Miembro de equipo.
- 4 Estimación del impacto de la selección y la consanguinidad sobre la diversidad genética utilizando herramientas genómicas Beatriz Villanueva Gaviña. (INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIÓN Y TECNOLOGÍA AGRARIA Y ALIMENTARIA ( INIA )). 01/01/2013-31/12/2015. 140.400 €.
- 5 Gestión y análisis de la diversidad en poblaciones estructuradas en los ámbitos de la conservación de recursos genéticos y la mejora genética: Estudios teóricos Ministerio de Ciencia e Innovación. Jesús Fernández Martín. (INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIÓN Y TECNOLOGÍA AGRARIA Y ALIMENTARIA ( INIA )). 01/01/2010-31/12/2012. 173.030 €.
- 6 Optimización del cultivo intensivo de la almeja e identificación de marcadores genéticos para el seguimiento de las repoblaciones Gloria Blanco Lizana. (Universidad de Oviedo). 01/09/2008-31/08/2011.
- 7 Análisis genéticos de trucha común en varias cuencas de la provincia de León Jose Antonio Sánchez-Prado. (Universidad de Oviedo). 29/11/2004-29/05/2006.

### **C.3. Contratos**

- 1 Implementación de herramientas genéticas, morfométricas y epigenéticas para controlar la masculinización y mejorar el cultivo de lubina (*Dicentrarchus labrax* L.) en la planta de ABSA SAU Centro para el Desarrollo Tecnológico Industrial. Marine Herlin. 16/12/2016-16/12/2019.
- 2 Programa de selección genética para la mejora de crecimiento en dorada (*Sparus aurata*, L.): Evaluación del progreso genético alcanzado Centro para el Desarrollo Tecnológico Industrial. Marine Herlin. 26/06/2014-P2Y.

### **C.4. Patentes**