

PEDRO GARRIDO-RODRÍGUEZ

PhD in Biomedicine & Bioinformatics

<https://pedro-garrido.github.io/> [in linkedin.com/in/pedro-garrido-rodríguez/](https://www.linkedin.com/in/pedro-garrido-rodríguez/)

EXPERIENCE

Bioinformatician

Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBERER)
Rare Diseases Spanish Research Network

📅 Dec 2020 – Nov 2024 📍 Murcia

- Bioinformatician & PhD student. Researcher on Hematology, Oncology, Rare Diseases and long-reads sequencing systems.
- Researcher on multiple public projects, including development of cohort analysis using longitudinal & survival ML models.
- Analysis of omics data (genome & transcriptome) from NGS short reads and Nanopore long-reads systems.

PUBLICATIONS

- *CALRins5-mediated clonal hematopoiesis causes severe hemolytic anemia in a female PGK1Ser320Asn carrier.* DOI: 10.1038/s41408-025-01216-w
- *Landscape of antisense genes in the human genome and identification of new human hepatic antisense RNAs by long-read sequencing.* DOI: 10.1186/s12864-024-11017-3
- *Analysis of AlphaFold and molecular dynamics structure predictions of mutations in serpins.* DOI: 10.1371/journal.pone.0304451
- *The whole is greater than the sum of its parts: Long-read sequencing for solving clinical problems in haematology.* DOI: 10.1111/jcmm.17961
- *Targeted long-read sequencing identifies and characterizes structural variants in cases of inherited platelet disorders.* DOI: 10.1016/j.jtha.2023.11.007
- *Functional, biochemical, molecular and clinical characterization of antithrombin c.1157T>C (p.Ile386Thr), a recurrent Polish variant with a founder effect.* DOI: 10.3324/haematol.2022.282459
- *Impact of genetic structural variants in factor XI deficiency: identification, accurate characterization, and inferred mechanism by long-read sequencing.* DOI: 10.1016/j.jtha.2023.03.009
- *Usefulness and Limitations of Multiple Ligation-Dependent Probe Amplification in Antithrombin Deficiency.* DOI: 10.3390/ijms24055023
- *Full-length antithrombin frameshift variant with aberrant C-terminus causes endoplasmic reticulum retention with a dominant-negative effect.* DOI: 10.1172/jci.insight.161430
- *Implication of Hepsin from Primary Tumor in the Prognosis of Colorectal Cancer Patients.* DOI: 10.3390/cancers14133106
- *Molecular and clinical characterization of transient antithrombin deficiency: A new concept in congenital thrombophilia.* DOI: 10.1002/ajh.26413
- *Identification of Thrombosis-Related Genes in Patients with Advanced Gastric Cancer: Data from AGAMENON-SEOM Registry.* DOI: 10.3390/biomedicines10010148

STRENGTHS

biological background genomics
transcriptomics clinical experience
rare diseases long reads workflows
python R C \LaTeX snakemake
nextflow statistics machine learning

LANGUAGES

Spanish (native) ●●●●●
English (C1) - Cambridge ESOL ●●●●●
French (A2) - U. Murcia EIDUM ●●●●●
Dutch (A1) - UGent UCT ●●●●●

EDUCATION

PhD in Biomedicine

Universidad de Murcia

📅 Nov 2020 – Mar 2025

Eng. in Computer Science

Universidad de Murcia

📅 Sept 2023 – ongoing

MSc. in Bioinformatics

Universidad de Murcia

📅 Sept 2019 – Jul 2020

BSc. in Biochemistry

Universidad de Murcia

📅 Sept 2015 – Jun 2019

EXPERIENCE ABROAD

Development of workflows for Nanopore sequencing

Universiteit Gent - BIOBIX group
Faculteit Bio-ingenieurswetenschappen

📅 Jan 2024 – May 2024

📍 Ghent, Belgium

R&D on bioinformatic tools and workflows development for 3rd Generation Sequencing Systems (Oxford Nanopore). Use of shared (GPU) cluster from Ghent University (Department of Data Analysis and Mathematical Modelling).

PROJECTS

- PMP21/00052 Secuenciación de 4ª generación con nanoporos en el diagnóstico de enfermedades genéticas - *Instituto Murciano de Investigación Biosanitaria (IMIB)*
- Grupo de Bioinformática: Actualización en el análisis de datos de NGS para el diagnóstico - *CIBER Enfermedades Raras (CIBERER)*
- 22231/PDC/23 Desarrollo de una herramienta de análisis del perfil epitranscriptómico en sangre mediante secuenciación por nanoporos como nuevo método diagnóstico no invasivo de NASH - *Fund. Formación e Invest. Sanitarias de la Región de Murcia (FFIS)*
- 21866/PI/22 Aplicación de nueva metodología, tecnología, y aproximación clínica para la identificación de nuevas trombofilias - *Universidad de Murcia*
- PI21/00174 Nueva aproximación multiómica e integrativa para investigar la deficiencia de antitrombina - *Instituto Murciano de Investigación Biosanitaria (IMIB)*
- PI21/00347 Identificación de biomarcadores de riesgo trombótico en pacientes con neoplasias mieloproliferativas: un enfoque clínico, biológico y molecular - *Instituto Murciano de Investigación Biosanitaria (IMIB)*
- PI21/00137 Mantengamos el contacto: Nuevas aproximaciones para investigar el FXII y FXI - *Universidad de Murcia*
- Premio López-Borrasca - Proyecto Agenesia: Estudio multicéntrico clínico y molecular de pacientes con agenesia de vena cava inferior para la identificación de nuevas trombofilias congénitas - *Universidad de Murcia*
- 21642/PDC/21 Detección de retrotransposones en el genoma humano empleando secuenciación de cuarta generación: utilidad diagnóstica e implicaciones genéticas - *Instituto Murciano de Investigación Biosanitaria (IMIB)*

COURSES

Advanced Course in Platelet Research

Sociedad Española de Trombosis y Hemostasia

📅 Sept 2024

📍 Murcia, Spain

Análisis bioinformático de datos de secuenciación masiva aplicado al diagnóstico genético e investigación traslacional

Fundación Investigación Biomédica Hospital Universitario Ramón y Cajal

📅 Jun 2021

📍 Madrid, Spain

MOOC Machine Learning y Big Data para la Bioinformática

Universidad de Granada

📅 Apr 2021

📍 Granada, Spain

Aprende R para análisis de expresión de ARN

Universidad de Granada

📅 Feb 2021

📍 Granada, Spain

Introducción a la aplicación de técnicas de regresión en R

Universidad de Granada

📅 Feb 2021

📍 Granada, Spain

Una visión general del flujo de trabajo con Machine Learning para aplicaciones biológicas

Universidad de Granada

📅 Feb 2021

📍 Granada, Spain

Machine Learning A-Z: Hands-On Python & R In Data Science

Udemy

📅 Nov 2020

📍 Online