

Parte A. DATOS PERSONALES		Fecha del CVA		11/09/2018	
Nombre y apellidos	Sergio Gálvez Rojas				
DNI/NIE/pasaporte	33387419K		Edad	47	
Núm. identificación del investigador	Researcher ID	K-7733-2014			
	Código Orcid	0000-0003-4743-2807			

A.1. Situación profesional actual

Organismo	Universidad de Málaga				
Dpto./Centro	Lenguajes y Ciencias de la Computación				
Dirección	ETSI Informática, Campus de Teatinos s/n. 29071 Málaga.				
Teléfono	952133312	correo electrónico	galvez@uma.es		
Categoría profesional	Profesor Titular de Universidad		Fecha inicio	2008	
Espec. cód. UNESCO	120312, 120317, 120323				
Palabras clave	lenguajes de programación, paralelismo, bioinformática				

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

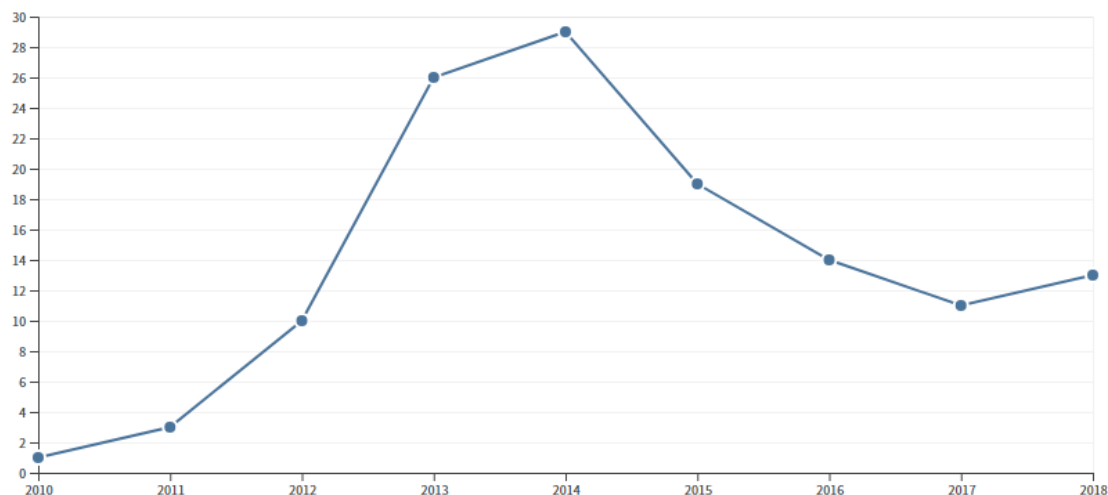
Licenciatura/Grado/Doctorado	Universidad	Año
Doctor Ingeniero en informática	de Málaga	2000

A.3. Indicadores generales de calidad de la producción científica (véanse instrucciones)

Actualmente tengo 2 sexenios de investigación y he dirigido una tesis doctoral finalizada en los últimos años. Imparto clases en másteres nacionales e internacionales en Paraguay y Argentina. Tengo 6 publicaciones en Q1 y mi métrica de citas se indica a continuación:



Número de veces citado al año



Parte B. RESUMEN LIBRE DEL CURRÍCULUM (*máximo 3500 caracteres, incluyendo espacios en blanco*)

Actualmente poseo 4 quinquenios de docencia y 2 sexenios de investigación. Imparto «Programación de Sistemas y Concurrencia» y «Sistemas de Información Colaborativos». En mi investigación en Bioinformática empleo continuamente las bases de datos relacionales y también investigo y programo como experto en aplicaciones concurrentes multi-núcleo CPU, tal y como puede verse en mis últimas publicaciones. Pertenezco al grupo PAI TIC-160 y en la última década vengo colaborando con el grupo AGR-248 en el desarrollo de aplicaciones bioinformáticas y análisis de datos RNASeq. En el año 2016 obtuve una beca «Salvador de Madariaga» para una estancia de 5 meses en el John Innes Center en Norwich, Reino Unido. Los trabajos allí realizados han contribuido a la última publicación en que participo, en la revista Science, cuyo impacto mediático ha sido enorme. Además, tengo una experiencia de más de 10 años como profesor tutor en la UNED en el Centro Asociado de Málaga.

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

C.1. Publicaciones

Publicación en Revista. Gálvez S, Mérida-García R, Camino C, Borrill P, Abrouk M, Ramírez-González RH, Biyiklioglu S, Amil-Ruiz F, IWGSC, Dorado G, Budak H, Gonzalez-Dugo V, Zarco-Tejada PJ, Appels R, Uauy C, Hernandez P (2018): Hotspots in the genomic architecture of field drought responses in wheat as breeding targets. Functional & Integrative Genomics (en prensa; Ms. No. FIGE-D-18-00175)

Publicación en Revista. Hernández-Molina, Pilar; Galvez-Rojas, Sergio; International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC). 2018. Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. Science. Vol. 361, Nº 6403, eaar7191.

Publicación en Revista. Francisco José Esteban, David Díaz, Pilar Hernández, Juan Antonio Caballero, Gabriel Dorado, Sergio Gálvez. 2017. MC64-Cluster: Many-Core CPU Cluster Architecture and Performance Analysis in B-Tree Searches. The Computer Journal.

Publicación en Revista. Gálvez S., Ferusic A., Esteban F.J., Hernández P., Caballero J.A., Dorado G. 2016. Speeding-up Bioinformatics Algorithms with Heterogeneous Architectures: Highly Heterogeneous Smith-Waterman (HHeterSW). Journal of Computational Biology. 23: 801-809.

Publicación en Revista. David Díaz, Francisco J. Esteban, Pilar Hernández, Juan Antonio Caballero, Antonio Guevara, Gabriel Dorado, Sergio Gálvez. 2014. MC64-ClustalWP2: A Highly-Parallel Hybrid Strategy to Align Multiple Sequences in Many-Core Architectures. PloS One. 9: 1-12.

Publicación en Revista. Francisco J. Esteban, David Díaz, Pilar Hernández, Juan A. Caballero, Gabriel Dorado, Sergio Gálvez. 2013. Direct approaches to exploit many-core architecture in bioinformatics. Future Generation Computer Systems. 29: 15-26.

Publicación en Revista. Hernández-Molina, Pilar; Martis, Mihaela; Dorado-Perez, Gabriel; Pfeifer, Matthias; Galvez-Rojas, Sergio; Schaaf, Sebastian ; Jouve, Nicolás ; Šimková, Hana ; Valárik, Miroslav; Doležel, Jaroslav ; Mayer, Klaus . 2012. Next-generation sequencing and syntenic integration of flow-sorted arms of wheat chromosome 4A exposes the chromosome structure and gene content. The Plant Journal. 69: 377-386.

Publicación en Revista. David Díaz, Francisco José Esteban, Pilar Hernández, Juan Antonio Caballero, Gabriel Dorado, Sergio Gálvez. 2011. Parallelizing and Optimizing a Bioinformatics Pairwise Sequence Alignment Algorithm for Many-Core Architecture. Parallel Computing. 244-259.

Libros. Stolfi-Rosso, Daniel Héctor; Galvez-Rojas, Sergio. 2011. COMVET - Control Mental de Vehículos Teledirigidos. Universidad de Málaga.

C.2. Proyectos

Estudios de variabilidad poblacional y respuesta a estreses en encina mediante una aproximación multi-ómica (transcriptómica, proteómica y metabolómica). 80% FONDOS FEDER // 20% PRESUPUESTOS GENERALES DEL ESTADO. Jorrín-Novó, Jesús Valentín (Universidad de Córdoba). 2016-2018. 181.500,00 EUR.

Mejora de la calidad del ajo mediante nuevas tecnologías moleculares y bioinformáticas. 100% JUNTA DE ANDALUCIA. Dorado-Pérez, Gabriel (Universidad de Córdoba). 2013-2017. 300.888,30 EUR.

SIAD de las empresas para su sostenibilidad: una plataforma de valor para la gestión de la reputación corporativa para las multinacionales cotizadas y empresas públicas.. MICINN. Peláez-Sánchez, José Ignacio (Universidad de Málaga). 2012-2014. 133.100,00 EUR.

INVESTIGACION TRASLACIONAL EN AGRICULTURA. 2011-2013. 66.550 EUR.

SISTEMA EXPERTO EN ELECTROCARDIOGRAFIA. Peláez-Sánchez, José Ignacio (Universidad de Málaga). 2010-2012. 46669,94 EUR.

PLATAFORMA ICTPV INTERACTIVA Y ACCESIBLE EN 3D. Novasoft Corporación Empresarial S.L. Guevara-Plaza, Antonio (Universidad de Málaga). 2010-2012. 94.400 EUR.

C.3. Contratos, méritos tecnológicos o de transferencia

SERGIO GALVEZ ROJAS; PILAR HERNÁNDEZ MOLINA; GABRIEL DORADO PEREZ; DAVID DIAZ GONZÁLEZ; FRANCISCO JOSÉ ESTEBAN RISUEÑO; JUAN ANTONIO CABALLERO MOLINA. MultiMedia-EBot 09/03/2011.

SERGIO GALVEZ ROJAS. 1102258575411. MEDISE (Metacompilación con Diagramas de Sintaxis Extendidos)

SERGIO GALVEZ ROJAS; PILAR HERNÁNDEZ MOLINA; GABRIEL DORADO PEREZ; DAVID DIAZ GONZÁLEZ; FRANCISCO JOSÉ ESTEBAN RISUEÑO; JUAN ANTONIO CABALLERO MOLINA. MINERVA. PROGRAMA BIOINFORMÁTICO PARA LA IDENTIFICACIÓN DE POLIMORFISMOS

SERGIO GALVEZ ROJAS; FRANCISCO JOSÉ ESTEBAN RISUEÑO; DAVID DIAZ GONZÁLEZ; JUAN ANTONIO CABALLERO MOLINA; GABRIEL DORADO PEREZ; PILAR HERNÁNDEZ MOLINA. OMEGA-BRIGID. PROGRAMA BIOINFORMÁTICO DE FLUJOS DE EJECUCIÓN. WEB

C.4. Patentes

C.5, C.6, C.7...

Propiedad intelectual

Denominación: OMEGA-BRIGID. PROGRAMA BIOINFORMÁTICO DE FLUJOS DE EJECUCIÓN WEB Descripción de cualidades: OMEGA-BRIGID ES UN FRAMEWORK ORIENTADO ESPECIALMENTE A LA BIOINFORMÁTICA QUE PERMITE LA INTEGRACIÓN DE NUEVOS COMPONENTES EN BASE A PLUGINS. CON UNA ARQUITECTURA ABIERTA Y CLARA, DISPONE ASIMISMO DE UNA INTERFAZ GRÁFICA (BRIGID) QUE PERMITE LA CREACIÓN DE DIAGRAMAS QUE REPRESENTAN FLUJOS

DE PROCESAMIENTO DE DATOS REUTILIZABLES, DANDO ASÍ LA OPORTUNIDAD DE PROCESAR AUTOMÁTICAMENTE GRANDES CANTIDADES DE DATOS CON MUY POCO ESFUERZO.

Inventores/autores/obtenedores: SERGIO GALVEZ ROJAS; FRANCISCO JOSÉ ESTEBAN RISUEÑO; DAVID DIAZ GONZÁLEZ; JUAN ANTONIO CABALLERO MOLINA; GABRIEL DORADO PEREZ; PILAR HERNÁNDEZ MOLINA 4

Denominación: MINERVA. PROGRAMA BIOINFORMÁTICO PARA LA IDENTIFICACIÓN DE POLIMORFISMOS

Descripción de cualidades: MINERVA ES UN CONJUNTO DE PROGRAMAS QUE FACILITAN LA DETECCIÓN Y VISUALIZACIÓN DE POLIMORFISMOS DE UN SOLO NUCLEÓTIDO. LA FACILIDAD DE VISUALIZAR ZONAS DE UNA SECUENCIA POR ORDEN DE CONSENSO EN UN ALINEAMIENTO PERMITE AL BIÓLOGO PRESTAR ATENCIÓN SÓLO A LAS ZONAS RELEVANTES EN EL ESTUDIO DE ESTOS SNPS.

Inventores/autores/obtenedores: SERGIO GALVEZ ROJAS; PILAR HERNÁNDEZ MOLINA; GABRIEL DORADO PEREZ; DAVID DIAZ GONZÁLEZ; FRANCISCO JOSÉ ESTEBAN RISUEÑO; JUAN ANTONIO CABALLERO MOLINA

Denominación: DEMALIGN. PROGRAMA BIOINFORMÁTICO PARA EL ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS GENÓMICAS

Descripción de cualidades: EL ALINEAMIENTO ÓPTIMO DE LARGAS SECUENCIAS DE ADN O DE PÉPTIDOS ES UN PROBLEMA DE GRAN COMPLEJIDAD COMPUTACIONAL. DEMALIGN ES UN HEURÍSTICO QUE PROPORCIONA MUY BUENOS RESULTADOS CUANDO LAS SECUENCIAS A ALINEAR SON MUY PARECIDAS, COMO SUCEDE CUANDO SE COMPARAN CROMOSOMAS Y GENOMAS DE INDIVIDUOS DE LA MISMA ESPECIE O MUY SIMILARES.

Inventores/autores/obtenedores: SERGIO GALVEZ ROJAS; JUAN ANTONIO CABALLERO MOLINA; DAVID DIAZ GONZÁLEZ; FRANCISCO JOSÉ ESTEBAN RISUEÑO; GABRIEL DORADO PEREZ; PILAR HERNÁNDEZ MOLINA