

Curriculum Vitae
Ramón Díaz Uriarte

Julio de 2011

Índice

1	Datos personales	5
2	Situación profesional actual	5
3	Situación profesional durante los cinco años anteriores	5
4	Titulación académica	5
5	Proyectos de Investigación	6
5.1	Investigador Principal	6
5.2	Miembro del equipo investigador	7
6	Producción científica	9
6.1	Publicaciones en revistas científicas internacionales	9
6.2	Capítulos de libros y libros	15
6.3	Resumen: publicaciones más citadas	16
7	Puestos docentes	17
8	Actividad docente	17
8.1	Profesor Asociado a 6 horas, Departamento de Bioquímica, UAM	17
8.2	“Teaching Assistant”, Univ. Wisconsin-Madison	17
8.3	Cursos de Estadística y Programación	17
8.4	Cursos de Bioinformática	18
8.5	Otros méritos relacionados con la actividad docente	18
9	Dirección de Tesis y Proyectos Fin de Máster	19
9.1	Tesis doctorales dirigidas	19
9.2	Dirección de Proyectos Fin de Máster	19
10	Software bioinformático y estadístico	20
11	Otros méritos	22
11.1	Becas y contratos más relevantes	22
11.2	Otras titulaciones académicas	22
11.3	Otras cualificaciones profesionales	22
11.4	Revisor para publicaciones científicas	22
11.5	Editor asociado de revistas científicas	22
11.6	Evaluación de proyectos y comités de expertos	23
11.7	Organización de congresos	23
11.8	Conferencias y seminarios invitados	23
11.9	Otras actividades profesionales	23
11.10	Gestión y mantenimiento de sistemas para computación bioinformática y estadística	24
12	Acreditación	24

1. Datos personales

Apellidos: Díaz Uriarte

Nombre: Ramón

Fecha de nacimiento: 30 de Octubre de 1968

Correo electrónico: rdiaz02@gmail.com

Página web: <http://ligarto.org/rdiaz>

Teléfono: +34 912 246 900

2. Situación profesional actual

- Profesor Titular, Dpto. Bioquímica, UAM
 - Fecha inicio: Julio 2011
 - Dirección: Arzobispo Morcillo 4, 28029, Madrid.

3. Situación profesional durante los cinco años anteriores

- Investigador, Grupo de Biología Estructural y Computacional, Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO), Instituto de Salud Carlos III
 - Fecha inicio: Mayo 2002
 - Fecha finalización: Junio 2011
 - Dirección: Melchor Fernández Almagro 3, 28029, Madrid
- Profesor Asociado a 6 horas, Dpto. Bioquímica, UAM
 - Fecha inicio: Noviembre 2006
 - Fecha finalización: Junio 2011
 - Dirección: Arzobispo Morcillo 4, 28029, Madrid.

4. Titulación académica

Licenciado en Biología, Universidad Autónoma de Madrid, 1992.

Licenciado con Grado en Biología, Universidad Autónoma de Madrid, 1993.

PhD in Zoology, University of Wisconsin-Madison, Madison, Wisconsin, EEUU, 2000.
Homologado a **Doctorado en Biología,** 2001.

5. Proyectos de Investigación

5.1. Investigador Principal

TÍTULO: Regions recurrentes y paisajes genómicos y epigenéticos: integración con árboles oncogenéticos.

ENTIDAD FINANCIADORA: Ministerio de Ciencia e Innovación

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador Principal

INICIO/ FINALIZACIÓN: 1/2010 - 12/2012

INVESTIGADOR PRINCIPAL: Ramón Díaz-Uriarte

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: 4

CUANTIA DE LA SUBVENCION: 50000

TÍTULO: Desarrollo de métodos estadísticos para el análisis conjunto de arrays de CGH y arrays de expresión génica para el estudio de neoplasias humanas

ENTIDAD FINANCIADORA: Fundación Mutua Madrileña

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador Principal

INICIO/ FINALIZACIÓN: 7/2005 - 7/2008

INVESTIGADOR PRINCIPAL: Ramón Díaz-Uriarte

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: 4

CUANTIA DE LA SUBVENCION: 77708

TÍTULO: Extracción de conocimiento de los microarrays de ADN usando métodos estadísticos

ENTIDAD FINANCIADORA: Ministerio de Ciencia y Tecnología

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador Principal

INICIO/ FINALIZACIÓN: 12/2003 - 12/2006

INVESTIGADOR PRINCIPAL: Ramón Díaz-Uriarte

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: 4

CUANTIA DE LA SUBVENCION: 74520

TÍTULO: Perfil de expresión genética en carcinoma no microcítico de pulmón: utilidad de las biopsias endoscópicas, correlación con la histología y predicción pronóstica en pacientes operables.

ENTIDAD FINANCIADORA: Red Respira del Fondo de Investigaciones Sanitarias

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador Principal

INICIO/ FINALIZACIÓN: 01/2005-12/2007

INVESTIGADOR PRINCIPAL: José Palacios Calvo, Ramón Díaz-Uriarte

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: (en subproyecto) 5

CUANTIA DE LA SUBVENCION: (subproyecto) 151800

5.2. Miembro del equipo investigador

TITULO: Coordinación de desarrollo metodológico y de aplicaciones para el análisis de datos genómicos en enfermedades complejas.

ENTIDAD FINANCIADORA: MICINN, Acciones complementarias.

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador

INICIO/ FINALIZACIÓN: 1/2011- 12/2011

INVESTIGADOR PRINCIPAL: Juan Ramón González (CREAL)

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: (en subproyecto): 4

CUANTIA DE LA SUBVENCION: 3400

TITULO: Molecular alterations involved in development and progression of endometrial carcinomas. Subproyecto 3: Clinical relevance of gene expression profile analysis by DNA arrays.

ENTIDAD FINANCIADORA: Fundació La Marató de TV3

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador

INICIO/ FINALIZACIÓN: 1/2006- 1/2008

INVESTIGADOR PRINCIPAL: José Palacios Calvo

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: (en subproyecto): 5

CUANTIA DE LA SUBVENCION: (subproyecto) 115000

TÍTULO: Development of tools of new generation for gene expression data analysis and implementation in the improved GEPAS platform.

ENTIDAD FINANCIADORA: Genoma España

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador

INICIO/ FINALIZACIÓN: 02/2004-02/2005

INVESTIGADOR PRINCIPAL: Joaquín Dopazo Blázquez

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: 5

CUANTIA DE LA SUBVENCION: 115000

TÍTULO: Desarrollo de nuevos métodos de selección de genes y construcción de predictores para el pronóstico de parámetros clínicos usando microarrays de ADN

ENTIDAD FINANCIADORA: Comunidad de Madrid

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador

INICIO/ FINALIZACIÓN: 01/2004 - 06/2006

INVESTIGADOR PRINCIPAL: Joaquín Dopazo Blázquez

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: 4

CUANTIA DE LA SUBVENCION: 41400

TÍTULO: Bioinformatics algorithms of new generation for analysing gene expression data

ENTIDAD FINANCIADORA: Fundación BBVA

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador

INICIO/ FINALIZACIÓN: 04/2004 - 03/2006

INVESTIGADOR PRINCIPAL: Joaquín Dopazo Blázquez

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: 4

CUANTIA DE LA SUBVENCION: 80000

TÍTULO: Predicción in silico y determinación experimental de genes involucrados en procesos tumorales, afectados por cambios genómicos en el número de copias

ENTIDAD FINANCIADORA: Fundación La Caixa

PUESTO DESEMPEÑADO: Investigador

INICIO/ FINALIZACIÓN: 10/2003 - 10/2006

INVESTIGADOR PRINCIPAL: Joaquín Dopazo Blázquez

NUMERO DE INVESTIGADORES PARTICIPANTES: 4

CUANTIA DE LA SUBVENCION: 120000

6. Producción científica

Con un asterisco indico las publicaciones en las que soy “corresponding author”. Indico también el Factor de Impacto [FI] y el número de veces que el artículo ha sido citado [Citas], según la Web of Knowledge (18 de Marzo de 2011). El Factor de Impacto procede del Journal Citation Reports para el año de publicación del artículo, salvo para los años 2010 y 2011 (JCR de 2009) y 1996 (JCR de 1997). Los dos artículos de PLoS ONE tiene el FI correspondiente al JCR de 2009 (PLoS ONE no tenía FI antes de ese año).

6.1. Publicaciones en revistas científicas internacionales

48. Montes-Moreno S, Martinez N, Sanchez-Espiridion B, Diaz Uriarte R, Rodriguez ME, Saez A, Montalban C, Gomez G, Pisano DG, Garcia JF, Conde E, Gonzalez-Barca E, Lopez A, Mollejo M, Grande C, Martinez MA, Dunphy C, Hsi ED, Rocque GB, Chang J, Go RS, Visco C, Xu-Monette Z, Young KH, Piris MA. 2011. MicroRNA expression in diffuse large B-cell lymphoma treated with chemoimmunotherapy. **Blood**, in press. FI: 10.558 Citas: 0
47. Subirana I, Diaz-Uriarte R, Lucas G, Gonzalez JR. 2011. CNVassoc: Association analysis of CNV data using R. **BMC Medical Genomics**, 4: 47. FI: 3.77 Citas: 0
46. Babel I, Barderas R, Diaz-Uriarte R, Moreno V, Suarez A, Fernandez-Aceñero MJ, Salazar R, Capellá G, Casal JI. 2011. Identification of MST1/STK4 and SULF1 proteins as autoantibody targets for the diagnosis of colorectal cancer by using phage microarrays. **Molecular & Cellular Proteomics**, in press. FI: 8.791 Citas: 0
45. Fuxjager MJ, Foufopoulos J, Diaz-Uriarte R, Marler CA. 2011. Functionally opposing effects of testosterone on two different types of parasite: implications for the immunocompetence handicap hypothesis. **Functional Ecology**, 25: 132–138. FI: 4.546 Citas: 0
44. * Carro A, Rico D, Rueda OM, Diaz-Uriarte R, Pisano DG. 2010. waviCGH: a web application for the analysis and visualization of genomic copy number alterations. **Nucl. Acids Res.**, 38: W182–W187. FI: 7.479 Citas: 0
43. * Rueda OM, Diaz-Uriarte R. 2010. Finding Recurrent Copy Number Alteration Regions: A Review of Methods. **Current Bioinformatics**, 5: 1–17. FI: 1.688 Citas: 7
42. * Rueda OM, Diaz-Uriarte R. 2009. Detection of recurrent copy number alterations in the genome: taking among-subject heterogeneity seriously. **BMC Bioinformatics**, 10: 308. FI: 3.428 Citas: 3

41. * Rueda OM, Diaz-Uriarte R. 2009. RJaCGH: Bayesian analysis of aCGH arrays for detecting copy number changes and recurrent regions. **Bioinformatics**, 25: 1959-1960 FI: 4.926 Citas: 0
40. Babel I, Barderas R, Diaz-Uriarte R, Martínez-Torrecuadrada JL, Sánchez-Carbayo M, and Casal JI. 2009. Identification of tumour-associated autoantigens for the diagnosis of colorectal cancer in serum using high-density protein microarrays. **Molecular & Cellular Proteomics**, 8: 2382-2395. FI: 8.791 Citas: 11
39. * Morrissey E, Diaz-Uriarte, R. 2009. Pomelo II: finding differentially expressed genes. **Nucl. Acids.Res.**, 37: W581-W586. FI: 7.479 Citas: 2
38. Sequeira-Mendes J, Diaz-Uriarte R, Apedaile A, Huntley D, Brockdorff N, Gomez M. 2009. Transcription Initiation Activity Sets Replication Origin Efficiency in Mammalian Cells. **PLoS Genetics**, 5: e1000446. FI: 9.532 Citas: 26
37. Infante A, Laresgoiti U, Fernández-Rueda J, Fullaondo A, Galán J, Diaz-Uriarte R, Malumbres M, Field SJ, Zubiaga AM. 2008. E2F2 represses cell cycle regulators to maintain quiescence. **Cell Cycle**, 7: 3915-3927. FI: 3.314 Citas: 6
36. Urdinguio RG, Lopez-Serra L, Lopez-Nieva P, Alaminos M, Diaz-Uriarte R, Fernandez AF, Esteller, M. 2008. Mecp2-Null Mice Provide New Neuronal Targets for Rett Syndrome. **PLoS ONE**, 3: e3669. FI: 4.351 Citas: 21
35. Alibés A, Cañada A, Diaz-Uriarte R. 2008. PaLS: filtering common literature, biological terms and pathway information. **Nucl. Acids Res.**, 36: W364-W367. FI: 6.878 Citas: 3
34. * Diaz-Uriarte R. 2008. SignS: a parallelized, open-source, freely available, web-based tool for gene selection and molecular signatures for survival and censored data. **BMC Bioinformatics**, 9: 1-11. FI: 3.781 Citas: 4
33. * Rueda OM, Diaz-Uriarte R. 2008. A response to Yu et al. 'A forward-backward fragment assembling algorithm for the identification of genomic amplification and deletion breakpoints using high-density single nucleotide polymorphism (SNP) array', **BMC Bioinformatics** 2007, 8: 145. **BMC Bioinformatics** 2007, 8: 394-400. FI: 3.493 Citas: 2
32. Collado M, Garcia V, Garcia JM, Alonso I, Lombardia L, Diaz-Uriarte R, López LA, Zaballos A, Bonilla F, Serrano M. 2007. Genomic Profiling of Circulating Plasma RNA for the Analysis of Cancer. **Clinical Chemistry**, 53, 1860-1863. FI: 4.803 Citas: 6
31. * Diaz-Uriarte R. 2007. GeneSrF and varSelRF: a web-based tool and R package for gene selection and classification using random forest. **BMC Bioinformatics**, 8: 328-343. FI: 3.493 Citas: 6

30. Castilla AM, Dhondt AA, Diaz-Uriarte R, Westmoreland D. 2007. Predation in ground nesting birds: an experimental study using natural egg-color variation. **Avian Conservation and Ecology - Écologie et conservation des oiseaux**, 2. FI: NA Citas: NA
29. * Diaz-Uriarte R, Rueda OM. 2007. ADaCGH: a parallelized web-based application and R packages for the analysis of aCGH data. **PLoS ONE**, 8: 394-400. FI: 4.351 Citas: 9
28. * Rueda OM, Diaz-Uriarte R. 2007. Flexible and accurate detection of genomic copy-number changes from aCGH. **PLoS Computational Biology**, 3: 1115-1122. FI: 6.236 Citas: 19
27. * Diaz-Uriarte R, Alibés A, Morrissey ER, Cañada A, Rueda OM, Neves ML. 2007. Asterias: integrated analysis of expression and aCGH data using an open-source, web-based, parallelized software suite. **Nucleic Acids Research**, 35: W75-W80. FI: 6.954 Citas: 10
26. Alibés A, Yankilevich P, Cañada A, Diaz-Uriarte R. 2007. IDconverter and IDClight: Conversion and annotation of gene and protein IDs. **BMC Bioinformatics**, 8: 1-9. FI: 3.493 Citas: 25
25. Moneo V, Serelde BG, Leal JFM, Blanco-Aparicio C, Diaz-Uriarte R, Aracil M, Tercero JC, Jimeno J, Carnero A. 2007. Levels of p27kip1 determine Aplidin sensitivity. **Therapeutics**, 6: 1310-1316. FI: 4.800 Citas: 9
24. Rodríguez A, Villuendas R, Yáñez L, Gómez ME, Diaz-Uriarte R, Pollán M, Hernández N, de la Cueva P, Marín MC, Swat A, Ruiz E, Cuadrado MA, Conde E, Lombardía L, Cifuentes F, Gonzalez M, García-Marco JA, Piris MA. 2007. Molecular heterogeneity in chronic lymphocytic leukemia is dependent on BCR signaling: clinical correlation. **Leukemia**, 21: 1984-1991. FI: 6.924 Citas: 17
23. * Alibés A, Morrissey E, Cañada A, Rueda O, Casado D, Yankilevich P, Diaz-Uriarte, R. 2007. Asterias: a parallelized web-based suite for the analysis of expression and aCGH data **Cancer Informatics**, 3: 1-9. FI: NA Citas: NA
22. * Diaz-Uriarte R, Alvarez de Andrés S. 2006. Gene selection and classification of microarray data using random forest. **BMC Bioinformatics**, 7:3. FI: 3.617 Citas: 141
21. Vaquerizas J, Conde L, Yankilevich P, Cabezon A, Minguéz P, Diaz-Uriarte R, Al-Shahrour F, Herrero J, Dopazo J. 2005. GEPAS, an experiment-oriented pipeline for the analysis of microarray gene expression data **Nucleic Acids Research**, 33: W616-W620. FI: 7.552 Citas: 53

20. Al-Shahrour F, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2005. Discovering molecular functions significantly related to phenotypes by combining gene expression data and biological information. **Bioinformatics** , 21: 2988-2993. FI: 6.019 Citas: 52

19. Meléndez B, Martínez-Delgado B, Cuadros M, Fernández V, Diaz-Uriarte R, Benítez J. 2005. Identification of amplified and highly expressed genes in amplicons of the T-cell line huT78 detected by cDNA microarray CGH. **Molecular Cancer**, 4. FI: 3.693 Citas: 2

18. Alvarez de Andrés S, Diaz-Uriarte R, Osorio A, Barrosa A, Paz MF, Honrado E, Rodríguez R, Urioste M, Valle L, Diez O, Cigudosa JC, Dopazo J, Esteller M, Benítez J. 2005. A predictor based on the somatic changes of the BRCA1/2 breast cancer tumors identifies the non-BRCA1/2 tumors with BRCA1 promoter hypermethylation. **Clinical Cancer Research**, 11: 1146-1153. FI: 5.715 Citas: 26

17. Meléndez B, Diaz-Uriarte R, Martínez-Ramírez A, Fernández-Piqueras J, Rivas C, Dopazo J, Martínez-Delgado B, Benítez J. 2004. Gene expression analysis on chromosomal regions of gain or loss in genetic material detected by comparative genomic hybridization. **Genes Chromosomes and Cancer**, 41: 353-365. FI: 4.276 Citas: 11

16. * Vaquerizas J, Dopazo J, Diaz-Uriarte R. 2004. DNMAID: web-based diagnosis and normalization for microarray data. **Bioinformatics**, 20: 3656-3658. FI: 5.742 Citas: 32

15. Herrero J, Vaquerizas J, Al-Shahrour F, Conde L, Mateos A, Santoyo J, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2004. New challenges in gene expression data analysis and the extended GEPAS. **Nucleic Acids Research**, 32: W485–W491. FI: 7.260 Citas: 31

14. Al-Shahrour F, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2004. FatiGO: a web tool for finding significant associations of Gene Ontology terms with groups of genes. **Bioinformatics** 20: 578-580. FI: 5.742 Citas: 431

13. Martínez-Delgado B, Meléndez B, Cuadros M, Alvarez J, Castrillo JM, Ruiz de la Parte A, Mollejo M, Bellas C, Diaz-Uriarte R, Lombardía L, Al-Shahrour F, Domínguez O, Cascon A, Robledo M, Rivas C, Benítez J. 2004. Expression Profiling of T-Cell Lymphomas Differentiates Peripheral and Lymphoblastic Lymphomas and Defines Survival Related Genes **Clinical Cancer Research** , 10: 4971-4982. FI: 5.623 Citas: 41

12. Moreno-Bueno G, Sánchez-Estévez C, Cassia R, Rodríguez-Perales S, Diaz-Uriarte R, Domínguez O, Hardisson D, Andujar M, Prat J, Matias-Guiu X, Cigudosa JC, Palacios J. 2003. Differential Gene Expression Profile in Endometrioid and Nonendometrioid Endometrial Carcinoma: STK15 Is Frequently Overexpressed and Amplified

- in Nonendometrioid Carcinomas. **Cancer Research**, 63: 5697-5702. FI: 8.649
Citas: 82
11. Herrero,J, Al-Shahrour F, Diaz-Uriarte R, Mateos A, Vaquerizas JM, Santoyo J, Dopazo J. 2003. GEPAS, a web-based resource for microarray gene expression data analysis **Nucleic Acids Research**, 31: 3461-3467. FI: 6.575 Citas: 118
10. Herrero J, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2003. An approach to inferring transcriptional regulation among genes from large-scale expression data. **Comparative and Functional Genomics**, 4: 148-154. FI: 1.297 Citas: 2
9. Herrero J, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2003. Gene Expression Data Preprocessing. **Bioinformatics**, 19: 655-656. FI: 6.701 Citas: 46
8. * Diaz-Uriarte R. 2002. Incorrect analysis of crossover trials in animal behaviour research. **Animal Behaviour**, 63: 815–822. FI: 2.423 Citas: 13
7. * Diaz-Uriarte R. 2001. Territorial intrusion risk and antipredator behaviour: a mathematical model. **Proceedings of the Royal Society of London**, Series B, 268: 1165–1173. FI: 3.192 Citas: 5
6. * Diaz-Uriarte R. 1999. Anti-predator behaviour changes following an aggressive encounter in the lizard *Tropidurus hispidus*. **Proceedings of the Royal Society of London**, Series B, 266: 2457–2464. FI: 2.755 Citas: 43
5. * Garland T Jr, Diaz-Uriarte R. 1999. Polytomies and independent contrasts: an examination of the bounded degrees of freedom approach. **Systematic Biology**, 48: 547–558. FI: 5.309 Citas: 72
4. * Diaz-Uriarte R, Garland T Jr. 1998. Effects of branch length errors on the performance of phylogenetically independent contrasts. **Systematic Biology**, 47: 654–672. FI: 5.969 Citas: 134
3. * Bauwens D, Diaz-Uriarte R. 1997. Covariation of life-history traits in lacertid lizards: a comparative study. **The American Naturalist**, 149: 91–111. FI: 2.903 Citas: 59
2. * Diaz-Uriarte R, Garland T Jr. 1996. Testing hypotheses of correlated evolution using phylogenetically independent contrasts: sensitivity to deviations from Brownian motion. **Systematic Biology**, 45: 27–47. FI: 4.191 Citas: 169

1. Diaz JA, Diaz-Uriarte R, Rodríguez A. 1996. Influence of behavioral thermoregulation on the use of vertical surfaces by Iberian wall lizards, *Podarcis hispanica*. **Journal of Herpetology**, 30: 548–552. FI: 0.560 Citas: 4

6.2. Capítulos de libros y libros

(El número de veces que cada capítulo de libro ha sido citado [Citas] ha sido obtenido de Google Scholar, a 27 de Marzo de 2011.)

6. * Diaz-Uriarte R. 2005. Supervised methods with genomic data: a review and cautionary view. Pp. 193–214 en F. Azuaje, and J. Dopazo (eds.), **Data analysis and visualisation in genomics and proteomics**, John Wiley & Sons, New York. Citas: 25

5. * Diaz-Uriarte R, Al-Shahrour F, Dopazo J. 2003. Use of GO terms to understand the biological significance of microarray differential gene expression data. Pp. 233-247 en K. F. Johnson and S. M. Lin (eds.), **Methods of microarray data analysis (CAMDA 2002)**, Kluwer Academic Press, New York. Citas: 11

4. Al-Shahrour F, Herrero J, Mateos Á, Santoyo J, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2003. Using Gene Ontology on genome-scale studies to find significant associations of biologically relevant terms to group of genes. pp. 43-52 in **Neural Networks for Signal Processing, XIII**, IEEE Press, New York. Citas: 11

3. Garland T Jr, Martin KLM, Diaz-Uriarte R. 1997. Reconstructing ancestral trait values using squared-change parsimony: plasma osmolarity at the origin of amniotes. Pp. 425–501 in: S. S. Sumida & K. L. M. Martin (eds.), **Amniote origins: completing the transition to land**, Academic Press, San Diego. Citas: 28

2. * Diaz-Uriarte R. 2001. The analysis of cross-over trials in animal behavior experiments: review and guide to the statistical literature. Samizdat Press (<http://samizdat.mines.edu>). Citas: 7

1. * Diaz-Uriarte R, Díez I. 1985. Las Aves Urbanas. Editorial Penthalon. Madrid.

6.3. Resumen: publicaciones más citadas

Posición	Referencia ^c	Veces citado
1	14. Al-Shahrour F, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2004	431
2	2. Diaz-Uriarte R, Garland T Jr. 1996	169
3	22. Diaz-Uriarte R, Alvarez de Andrés S. 2006	141
4	4. Diaz-Uriarte R, Garland T Jr. 1998	134
5	11. Herrero et al. 2003	118
6	12. Moreno-Bueno et al. 2003	82
7	5. Garland T Jr, Diaz-Uriarte R. 1999	72
8	3. Bauwens D, Diaz-Uriarte R. 1997.	59
9	21. Vaquerizas et al. 2005	53
10	20. Al-Shahrour F, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2005	52
11	9. Herrero J, Diaz-Uriarte R, Dopazo J. 2003	46
12	6. Diaz-Uriarte R. 1999	43
13	13. Martinez-Delgado B, et al. 2004	41
14	16. Vaquerizas J, Dopazo J, Diaz-Uriarte R. 2004	32
15	15. Herrero et al. 2004	31
16	c-3. Garland et al., 1997	28
17	38. Sequeira-Mendes et al. 2009	26
18	18. Alvarez de Andrés et al. 2005	26
19	26. Alibés A, Yankilevich P, Cañada A, Diaz-Uriarte R. 2007	25
20	c-6. Diaz-Uriarte R., 2005	25
21	36. Urdinguio et al. 2008	21
22	28. Rueda OM, Diaz-Uriarte R. 2007	19

c: capítulos de libros.

Artículos y capítulos de libros:

- Número total de veces citado: 1835
- Número medio de veces citado por artículo o capítulo: 37
- Mediana de número de veces citado por artículo o capítulo: 11

Sólo artículos:

- Número total de veces citado: 1753
- Número medio de veces citado por artículo o capítulo: 40
- Mediana de veces citado por artículo o capítulo: 12

7. Puestos docentes

2011–Presente Profesor Titular, Departamento de Bioquímica, Universidad Autónoma de Madrid (UAM).

2006–2011 Profesor Asociado a 6 horas, Departamento de Bioquímica, UAM.

1998–2000 “Teaching Assitant” (Asistente Docente), Department of Zoology, University of Wisconsin-Madison, Madison, Wisconsin, EEUU.

8. Actividad docente

8.1. Profesor Asociado a 6 horas, Departamento de Bioquímica, UAM

Bioinformática Licenciatura en Bioquímica. 2006–2007, 2007–2008, 2008–2009, 2009–2010, 2010–2011. 20 horas/cursos.

Genómica Funcional. Técnicas de análisis masivo de datos Curso de doctorado. 2008. 4 horas.

BM-1: Metodología de la investigación en biociencias moleculares Programa Oficial de Postgrado en Biociencias Moleculares 2008–2009, 2009–2010. 8 horas/cursos.

Bioinformática Programa Oficial de Postgrado en Biofísica. 2008–2009, 2009–2010, 2010–2011. 9, 6, y 4 horas.

BM-13: Bioinformática Avanzada y Biología de Sistemas Programa Oficial de Postgrado en Biociencias Moleculares. 2008–2009, 2009–2010, 2010–2011. 9, 21, y 21 horas. **Coordinador de la asignatura.**

8.2. “Teaching Assistant”, Univ. Wisconsin-Madison

Introductory Biology 1998 (asignatura semestral). 120 horas/cursos.

Animal Biology Laboratory 1999 (asignatura semestral). 120 horas/cursos.

Introductory Ecology 1999, 2000 (asignatura semestral). 120 horas/cursos.

8.3. Cursos de Estadística y Programación

Curso de R Avanzado CREAL, Barcelona. 2010 (tres sesiones). 4 horas/cursos.

Máster en Bioinformática y Biología Computacional Universidad Complutense de Madrid. 2009–2010, 2010–2011. 21 horas/cursos. Coordinador (años 2010-2011).

R: estadística, programación, manejo y representación de datos Azti Tecnalia, Vizcaya, y Azti Tecnalia, Guipuzcoa. 2008. 40 horas/cursos.

Programación y Estadística con R Instituto Español de Oceanografía, Santander. 2006. 30 horas.

Introducción al uso y programación del sistema estadístico R Centro Nacional de Biotecnología, 2003. 8 horas.

8.4. Cursos de Bioinformática

Curso de Doctorado “Genómica y Proteómica del Cáncer” CNIO, 2006. 4 horas.

Array Comparative Genomic Hybridization (aCGH) and its bioinformatic and statistical analysis Curso de Doctorado. Instituto Politecnico di Milano, Milán, Italia. 2009. 20 horas.

Máster en Bioinformática y Biología Computacional Universidad Complutense de Madrid. Cursos 2002–2003, 2003–2004, 2004–2005, 2005–2006. Horas: 3 por curso.

Classification and prediction with gene expression data using bioinformatics tools
Curso Práctico “Bioinformatics applied to Gene Expression”, CIC, USAL-CSIC, Salamanca, 2005. 3 horas.

Curso Teórico-Práctico de Patología Molecular CNIO. 2003, 2004, 2005, 2006. 3 horas/curso.

Master en Oncología Molecular CNIO. 2003–2005, 2005–2007, 2006–2008, 2008–2010, 2009–2011. 1 hora/curso.

IIª Jornada CNIO de Oncología Traslacional en Cáncer de Mama CNIO. Mayo 2010.

8.5. Otros méritos relacionados con la actividad docente

- Evaluador en tribunales de Trabajos Fin de Máster, Máster en Biología Molecular y Celular del Programa Oficial de Posgrado en Bioquímica, Biología Molecular, Biomedicina y Biotecnología. 14 de Septiembre 2009.
- Participación en seminario para establecer Postgrado compartido en Biomedicina UAM/UNAM. Ciudad de México, 7 a 11 de Diciembre 2009.

9. Dirección de Tesis y Proyectos Fin de Máster

9.1. Tesis doctorales dirigidas

1. Doctorando: Oscar Manuel Rueda Palacio

Título: Statistical methods for the analysis of copy number alterations in the genome

Directores: Ramón Díaz Uriarte y Cristina Rueda Sabater (Universidad de Valladolid)

Año: 2008

Universidad: Universidad de Valladolid

Departamento: Estadística e Investigación Operativa

Calificación: Sobresaliente “cum laude”

Mención de calidad del Programa de Doctorado: Sí (años 2003-2004, 2004-2005, 2005-2006, 2006-2007, 2007-2008, 2008-2009, 2009-2010)

9.2. Dirección de Proyectos Fin de Máster

1. Director del proyecto final de prácticas del Máster en Bioinformática y Biología Computacional de la UCM, curso 2007-2008, de la alumna María Casanova con el proyecto titulado “ADaCGH y Sendplot, un nuevo enfoque en el análisis de datos de aCGH”. Este proyecto examinaba la posibilidad de utilizar gráficos interactivos para la anotación de los resultados de análisis de arrays de CGH.
2. Director del proyecto final de prácticas del Máster en Bioinformática y Biología Computacional de la UCM, curso 2005-2006, de la alumna Ana Bordoy con el proyecto titulado “Implementación de métodos para la búsqueda de firmas moleculares con datos de supervivencia”. En este proyecto, la estudiante se familiarizó métodos para el análisis de supervivencia (por ej., modelos de Cox) y la computación en paralelo.

10. Software bioinformático y estadístico

- WaviCGH, herramienta web (<http://wavi.bioinfo.cnio.es/>) para el análisis de datos de arrays de CGH (detección de regiones con pérdida/ganancia de material genómico). *Lenguaje:* R (incluyendo interfaz a MPI y uso de librería “ff” para acceso a ficheros de datos arbitrariamente grandes). Este programa utiliza una versión especial de la librería para BioConductor “ADaCGH2” (a continuación).
- ADaCGH2, paquete de R y BioConductor para el análisis de datos de arrays de CGH (<http://www.bioconductor.org/help/bioc-views/release/bioc/html/ADaCGH2.html>). *Lenguaje:* R (incluyendo interfaz a MPI y uso de librería “ff” para acceso a ficheros de datos arbitrariamente grandes) y C.
- ADaCGH, herramienta web (<http://adacgh.bioinfo.cnio.es/>) para el análisis de datos de arrays de CGH (detección de regiones con pérdida/ganancia de material genómico). *Lenguaje:* Python, R (incluyendo interfaz a MPI), C.
- RJaCGH, librería para el programa R para el análisis bayesiano de arrays de CGH usando Hidden Markov Models con Reversible Jump (<http://cran.r-project.org/web/packages/RJaCGH/index.html>). *Lenguaje:* R y C.
- PomeloII, herramienta web para la detección de genes diferencialmente expresados (incluyendo ANOVA, contrastes de la t y análisis de supervivencia) con ajuste para múltiples contrastes de hipótesis (<http://pomelo2.bioinfo.cnio.es>). *Lenguaje:* C++, Python.
- SignS, herramienta web (<http://signs.bioinfo.cnio.es/>) para la búsqueda de firmas moleculares a partir de datos de expresión y de supervivencia de pacientes. *Lenguaje:* Python, R (incluyendo interfaz a MPI).
- GeneSrF, interaz web (<http://genesrf.bioinfo.cnio.es/>) para la selección de genes usando random forest (implementado también como paquete en R). *Lenguaje:* Python, R.
- varSelRF, librería para el programa R para la selección de genes usando random forests (<http://cran.r-project.org/web/packages/varSelRF/index.html>). *Lenguaje:* R (incluyendo interfaz a MPI).
- geSignatures, librería para el programa R para la búsqueda de firmas moleculares (<http://ligarto.org/rdiaz/Software/Software.html#geSignatures>). *Lenguaje:* R, C++.
- Tnasas, una herramienta bioinformática para el desarrollo de modelos predictores usando datos de expresión genética (<http://tnasas.bioinfo.cnio.es>). *Lenguaje:* R.
- DNMad, herramienta bioinformática para la normalización y diagnosis de arrays de DNA (<http://dnmad.bioinfo.cnio.es>). *Lenguaje:* R (incluyendo paquetes de BioConductor).

- Pomelo, herramienta bioinformática para la detección de genes diferencialmente expresados (incluyendo ANOVA, contrastes de la t y análisis de supervivencia) con ajuste para múltiples contrastes de hipótesis (<http://pomelo.bioinfo.cnio.es>). *Lenguaje: C++.*
- FatiGO, herramienta bioinformática para data mining con Gene Ontology (<http://fatigo.bioinfo.cnio.es>). *Lenguaje: C++.*
- PHYLOGR, librería para el programa R para el análisis de datos comparativos usando simulaciones de Monte Carlo y mínimos cuadrados generalizados (<http://cran.r-project.org/web/packages/PHYLOGR/index.html>). *Lenguaje: R.*
- PDSQCHP y contribuidor de varios módulos al conjunto de programas PDAP, para el análisis de datos comparativos, de T. Garland y colaboradores (<http://www.biology.ucr.edu/faculty/Garland/PDAP.html>). *Lenguaje: Pascal.*
- gaLW, evaluación de estrategias evolutivamente estables usando algoritmos genéticos (<http://www.ligarto.org/rdiaz/Software/gaLW.tar.gz>). *Lenguaje: C++.*
- Registro y análisis de datos de comportamiento usando calculadora HP-48. (<http://www.ligarto.org/rdiaz/BehHP48/NotesBehavioralRecordingHP48.html>). *Lenguaje: RPL (Reverse Polish Lisp) y C++.*

11. Otros méritos

11.1. Becas y contratos más relevantes

- Contrato Ramón y Cajal, Diciembre 2002.
- John and Virginia Emlen Graduate Student Fellowship, U. Wisconsin-Madison, EEUU (06/99 - 09/99).
- Beca de la Fundación “La Caixa” para realizar estudios de doctorado en EEUU (08/93 -08/95).

11.2. Otras titulaciones académicas

Master in Biometry, University of Wisconsin-Madison, Madison, Wisconsin, EEUU, 1996.

Master in Statistics, University of Wisconsin-Madison, Madison, Wisconsin, EEUU, 2000.

11.3. Otras cualificaciones profesionales

- Fellow, Royal Statistical Society (Reino Unido), 2002.
- Graduate Statistician, Royal Statistical Society (Reino Unido), 2002.

11.4. Revisor para publicaciones científicas

- Nature Biotechnology (1 artículo)
- Bioinformatics (18 artículos)
- BMC Bioinformatics y BMC Genomics (14 artículos)
- IEEE Transactions in Computational Biology and Bioinformatics (1 artículo)
- Otras revistas: The American Naturalist, Behavioral Ecology and Sociobiology, Canadian Journal of Zoology, Evolution, Genome Biology, Herpetologica, IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine, Journal of Comparative Psychology, Journal of Evolutionary Biology, Journal of Experimental Biology, Journal of Herpetology, Journal of Multivariate Analysis, Journal of Statistical Software, R News, Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology, Systematic Biology.

11.5. Editor asociado de revistas científicas

- Editor Asociado de BMC Bioinformatics (desde Enero 2010)

11.6. Evaluación de proyectos y comités de expertos

- Evaluador de proyectos científicos para la ANEP (7 proyectos evaluados).
- Revisor del “NSA Mathematical Sciences Grant Program” de la American Mathematical Society (1 proyecto evaluado).
- Miembro del Comité de Selección del programa de becas para estudios de máster en España de la Fundación “la Caixa”. Junio 2010.
- Miembro del Comité de Selección del programa de becas para estudios de postgrado en el extranjero de la Fundación “la Caixa”. Septiembre de 2007.

11.7. Organización de congresos

- ESF workshop on Genomic approaches to microarray data analysis, 30 a 1 Octubre 2003. Madrid
- useR 2006. Comité científico y organizador del congreso, Viena, Junio 2006.
- useR 2011. Comité científico y organizador del congreso, University of Warwick, Coventry, UK, Agosto 2011.

11.8. Conferencias y seminarios invitados

- “Building predictors from microarray data: a review and cautionary views”. Conferencia invitada en el Institut Recerca Biomedica de Barcelona. Barcelona, 2004.
- “An applied statistician in microarray world: reviews and reflections.” Conferencia invitada en la X Conferencia Española de Biometría. Oviedo, 2005.
- “An applied statistician in microarray world: reviews and reflections.” Conferencia invitada en el Departamento de Estadística de la Universidad Carlos III de Madrid. Madrid, 2005.
- “Detección de alteraciones en números de copia con aCGH: métodos, software, extensiones.” Conferencia invitada en el Instituto de Microbiología Bioquímica, CSIC. Salamanca, 2009.

11.9. Otras actividades profesionales

Project Assistant Department of Zoology, University of Wisconsin-Madison. 01/1998–08/1998.

Research Assistant Department of Zoology, University of Wisconsin-Madison. 08/1995–05/1996.

Experto en Data Mining Newknow Network, S.A., 01/2001–07/2001

Technical Knowledge Manager Inner Strategic Research, 08/2001 – 05/2002

11.10. Gestión y mantenimiento de sistemas para computación bioinformática y estadística

Administrador del cluster de computación de 30 nodos (servidores IBM Xeons) del CNIO y co-administrador del cluster de computación de 33 nodos (servidores AMD Opteron). Ambos clusters utilizan Linux como sistema operativo y son usados para investigación y como servidores de aplicaciones. Las tareas fundamentales incluyen instalación y mantenimiento del sistema operativo, migración de aplicaciones, gestión de balanceo de carga, y paralelización de la computación (usando MPI).

12. Acreditación

Acreditación Nacional para el cuerpo docente de Profesores Titulares de Universidad. 15 de Febrero de 2010.