

CURRICULUM VITAE ABREVIADO (CVA)

Fecha del CVA

Parte A. DATOS PERSONALES

Nombre	Francisco Antonio		
Apellidos	Gómez Vela		
Sexo (*)	Hombre	Fecha de nacimiento (dd/mm/yyyy)	
DNI, NIE, pasaporte			
Dirección email		URL Web	
Open Researcher and Contributor ID (ORCID) (*)			

* datos obligatorios

A.1. Situación profesional actual

Puesto	Profesor titular de Universidad		
Fecha inicio	02/12/2022		
Organismo/ Institución	Universidad Pablo de Olavide de Sevilla		
Departamento/ Centro	Escuela Politécnica Superior		
País	España	Teléfono	
Palabras clave	Inteligencia artificial; Machine Learning; Bioinformatics		

A.2. Situación profesional anterior (incluye interrupciones en la carrera investigadora, de acuerdo con lo indicado en la convocatoria, indicar meses totales)

Periodo	Puesto/ Institución/ País / Motivo interrupción
2022-Act.	Profesor Titular de Universidad, Universidad Pablo de Olavide, España

A.3. Formación Académica

Grado/Master/Tesis	Universidad/Pais	Año
Ingeniería Informática	Universidad de Sevilla / España	2006
Máster oficial en ingeniería y tecnología del software	Universidad de Sevilla / España	2012
Máster Universitario en Formación del Profesorado (MAES)	Universidad Pablo de Olavide de Sevilla / España	2015
Doctor	Universidad Pablo de Olavide de Sevilla / España	2015

(Incorporar todas las filas que sean necesarias)

Parte B. RESUMEN DEL CV (máx. 5.000 caracteres, incluyendo espacios)

Francisco Gómez es doctor en ciencias de la computación por la Universidad Pablo de Olavide de Sevilla (dentro del programa de doctorado Biotecnología y Tecnología Química) año 2015, además de Ingeniero Informático por la Universidad de Sevilla (2006).

Actualmente es profesor titular de Universidad en la Universidad Pablo de Olavide de Sevilla, en la Escuela Politécnica Superior. Imparte clases en el grado de Ingeniería Informática en Sistemas de Información, grado en Biotecnología, Máster Oficial de Ingeniería informática, Máster Oficial de Humanidades Digitales y Máster en Big Data y Business Analytics. Sus principales ramas docentes se centran en la gestión de proyectos IT y programación en diferentes lenguajes y plataformas.

Por otro lado, y de manera general, su principal generación de conocimiento se ocupa del análisis y tratamiento de la información mediante técnicas inteligentes, aplicando técnicas de Machine Learning y Big Data. En total, según scopus presenta 44 aportaciones científicas en este campo donde la mayoría de estas se publicaron en revistas con índice de impacto JCR. Presentando un índice H de 11 y un total de 959 citas (fuente Google Scholar).

En sus investigaciones se ha centrado principalmente en el análisis y modelado de datos genéticos y biomédicos. En este campo, es donde se centran la mayoría de sus publicaciones científicas, mas concretamente en modelado y validación de redes genéticas (mas de 16 publicaciones indexadas en este campo). Uno de los principales objetivos de su investigación es la identificación de biomarcadores para enfermedades como el cáncer empleando técnicas de machine learning y procesamiento de datos masivos con técnicas de alto rendimiento, principalmente empleando tecnología GPU. En este sentido, presenta varias publicaciones con índice de impacto en revistas de reconocido prestigio (Q1 y Q2) tales como: Artificial Intelligence in Medicine, Journal of Parallel and Distributed Computing, Applied Soft Computing, Information Science o Journal of Biomedical Informatics entre otras, la mas reciente en enero de 2024. Adicionalmente, ha participado como investigador en proyectos relacionados con la materia como: "Análisis inteligente de información biomédica" TIN2011-28956-C02-01 o "Neurocomputing en salud mental" PPI1901. Por otro lado, desde 2023 ejerce como investigador principal en un proyecto propio de investigación de la Universidad Pablo de Olavide: "Generación inteligente de redes genéticas empleando datos multi-ómicos con aplicación a patologías" PPI2201. En este campo también ha dirigido dos tesis doctorales ya finalizadas con resultados publicados en revistas indexadas: "Design of new algorithms for gene network reconstruction applied to in silico modeling of biomedical data." (2023) y "Mejora de métodos de análisis de datos con aplicación en datos biomédicos" (2022), y tiene en curso una tesis más. Finalmente, presenta dos patentes software de análisis y generación de datos genéticos: "SE-182-20. BIGO: UNA APLICACIÓN WEB PARA ANALIZAR DATOS DE ANALISIS DE ENRIQUECIMIENTO DE GENES" y "SE-180-20. EnGNet 1.0".

En otra línea de investigación, presenta publicaciones en el campo de la investigación de nuevas técnicas de Big Data para la explotación de datos en series temporales como datos eléctricos o de bolsa de activos. En este sentido, también presenta varias publicaciones con índice de impacto en revistas de reconocido prestigio (Q1 y Q2): Knowledge-Based Systems o Energies. En esta línea de trabajo también ha participado en un proyecto nacional: "DIFFERENTIAL@UPO: MASSIVE DATA MANAGEMENT, FILTERING AND EXPLORATORY ANALYS" TIN2015-64776-C3-2-R.

Por último, ha participado en diferentes contratos de investigación con empresas, destacando el contrato con la empresa PigCHAMP, donde se elaboró un algoritmo para la clasificación de animales según su comportamiento. De este contrato también se han publicado los resultados en una revista indexada (Q2): Journal of Computational Science.

Parte C. LISTADO DE APORTACIONES MÁS RELEVANTES -

C.1. Publicaciones más importantes en libros y revistas con "peer review" y conferencias.

Revista: Figueroa-Martínez, J., Saz-Navarro, D. M., López-Fernández, A., Rodríguez-Baena, D. S., & Gómez-Vela, F. A. (2024, March). Computational Ensemble Gene Co-Expression Networks for the Analysis of Cancer Biomarkers. In Informatics (Vol. 11, No. 2, p. 14). MDPI.

Revista: López-Fernández, A., Gómez-Vela, F. A., Gonzalez-Dominguez, J., & Bidare-Divakarachari, P. (2024). bioScience: A new python science library for high-performance computing bioinformatics analytics. *SoftwareX*, 26, 101666.

Revista: López-Fernández, A., Gómez-Vela, F. A., del Saz-Navarro, M., Delgado-Chaves, F. M., & Rodríguez-Baena, D. S. (2024). Optimized Python library for reconstruction of ensemble-based gene co-expression networks using multi-GPU. *The Journal of Supercomputing*, 1-35.

Revista: Saz-Navarro, D. M., López-Fernández, A., Gómez-Vela, F. A., & Rodriguez-Baena, D. S. (2024). CyEnGNet—App: A new Cytoscape app for the reconstruction of large co-expression networks using an ensemble approach. *SoftwareX*, 25, 101634.
<https://doi.org/10.1016/j.softx.2024.101634>

Revista: Delgado-Chaves, F. M., Martínez-García, P. M., Herrero-Ruiz, A., Gómez-Vela, F., Divina, F., Jimeno-González, S., & Cortés-Ledesma, F. (2022). Data of transcriptional effects of the merbarone-mediated inhibition of TOP2. *Data in Brief*, 44, 108499.
<https://doi.org/10.1016/j.dib.2022.108499>

Revista: Lopez-Fernandez, A., Rodriguez-Baena, D., Gomez-Vela, F., Divina, F., & Garcia-Torres, M. (2021). A multi-GPU biclustering algorithm for binary datasets. *Journal of Parallel and Distributed Computing*, 147, 209-219. <https://doi.org/10.1016/j.jpdc.2020.09.009>

Revista: Gómez-Vela, F., Delgado-Chaves, F. M., Rodríguez-Baena, D. S., García-Torres, M., & Divina, F. (2019). Ensemble and Greedy Approach for the Reconstruction of Large Gene Co-Expression Networks. *Entropy*, 21(12), 1139. <https://doi.org/10.3390/e21121139>

Revista: Delgado-Chaves, F. M., Gómez-Vela, F., García-Torres, M., Divina, F., & Vazquez Noguera, J. L. (2019). Computational inference of gene co-expression networks for the identification of lung carcinoma biomarkers: an ensemble approach. *Genes*, 10(12), 962.
<https://doi.org/10.3390/genes10120962>

Revista: Delgado, F. M., & Gómez-Vela, F. (2019). Computational methods for gene regulatory networks reconstruction and analysis: a review. *Artificial intelligence in medicine*, 95, 133-145.
<https://doi.org/10.1016/j.artmed.2018.10.006>

Revista: Lopez-Fernandez, A., Rodriguez-Baena, D., Gomez-Vela, F., & Diaz-Diaz, N. (2018). BIGO: A web application to analyse gene enrichment analysis results. *Computational Biology and Chemistry*, 76, 169-178. <https://doi.org/10.1016/j.compbiolchem.2018.06.006>

Revista: Díaz-Montaña, J. J., Gómez-Vela, F., & Díaz-Díaz, N. (2018). GNC—app: A new Cytoscape app to rate gene networks biological coherence using gene—gene indirect relationships. *Biosystems*, 166, 61-65. <https://doi.org/10.1016/j.biosystems.2018.01.007>

Revista: Díaz-Montaña, J. J., Díaz-Díaz, N., & Gómez-Vela, F. (2017). Gfd-net: A novel semantic similarity methodology for the analysis of gene networks. *Journal of biomedical informatics*, 68, 71-82. <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2017.02.013>

Revista: Gómez-Vela, F., Barranco, C. D., & Díaz-Díaz, N. (2016). Incorporating biological knowledge for construction of fuzzy networks of gene associations. *Applied Soft Computing*, 42, 144-155. <https://doi.org/10.1016/j.asoc.2016.01.014>

C.2. Congresos.

Presentación: Martínez García, P. M., García Torres, M., Divina, F., Gómez Vela, F. A., & Cortés-Ledesma, F. (2018, March). Analysis of relevance and redundance on Topoisomerase 2b (TOP2B) binding sites: A feature selection approach. In *International Conference on the Applications of*

Evolutionary Computation (pp. 86-101). Cham: Springer International Publishing.

Presentación: Gomez-Vela, F. et al. (2017). Bioinformatics from a Big Data Perspective: Meeting the Challenge. In: Rojas, I., Ortuño, F. (eds) Bioinformatics and Biomedical Engineering. IWBBIO 2017. Lecture Notes in Computer Science(), vol 10209. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-56154-7_32

Presentación: Díaz-Díaz, N., Gómez-Vela, F., Aguilar-Ruiz, J., & García-Gutiérrez, J. (2011, November). Gene-gene interaction based clustering method for microarray data. In 2011 11th International Conference on Intelligent Systems Design and Applications (pp. 1067-1073). IEEE.

C.3. Proyectos o líneas de investigación en los que ha participado.

Proyecto: PPI2201. Generación inteligente de redes genéticas empleando datos multi-ómicos con aplicación a patologías. Universidad Pablo de Olavide. Gómez Vela, Francisco Antonio (Universidad Pablo de Olavide). 2023-2024. 7500 EUR. Responsable (IP).

Proyecto: P18-RT-4806. Envejecimiento activo y MedMoriApp: una App para mejorar la adherencia al tratamiento al alcance de tu mano. CONSEJERÍA DE CONOCIMIENTO, CONSEJERÍA DE CONOCIMIENTO, INVESTIGACIÓN Y UNIVERSIDAD. JUNTA DE ANDALUCÍA. 2020-2022. 99507 EUR. Investigador.

Proyecto: PPI1901. Neurocomputing en salud mental. Universidad Pablo de Olavide. Díaz-Díaz, Norberto (Universidad Pablo de Olavide). 2019-2021. 7500 EUR. Investigador.

Proyecto: TIN2015-64776-C3-2-R. DIFFERENTIAL@UPO: MASSIVE DATA MANAGEMENT, FILTERING AND EXPLORATORY ANALYSIS. Ministerio De Economía Y Competitividad. Barranco-González, Carlos David (Universidad Pablo de Olavide). 2016-2018. 63646 EUR. Investigador.

Proyecto: TIN2011-28956-C02-01. Analisis inteligente de información biomédica. Ministerio De Economía Y Competitividad. AGUILAR RUIZ, SALVADOR (Universidad Pablo de Olavide). 2012-2015. 41140 EUR. Investigador.

C.4. Participación en actividades de transferencia de tecnología/conocimiento y explotación de resultados.

Contrato: DESARROLLO EL PROYECTO: ¿SISTEMA INTELIGENTE DE CALIBRACIÓN DE SENSORES¿. BIOAGRO TECH, S.L.. Barranco-González, Carlos David (Universidad Pablo de Olavide). 2017-2018. 19360 EUR.

Contrato: IMPARTICIÓN DEL CURSO: ¿ANÁLISIS Y DISEÑO DE SOFTWARE APLICADO A PHP" (2016). F Y C CONSULTORES. 2016-2016. 2933,33 EUR.

Contrato : WILT (Wireless Livestock Tracking system) SISTEMA INALÁMBRICO DE SEGUIMIENTO DE GANADO. Asesoramiento Técnico entre la Universidad Pablo de Olavide y PigCHAMP para la clasificación de animales de ganadería según su comportamiento motriz. Pig Champ Pro Europa. Rodríguez-Baena, Domingo Savio (Universidad Pablo de Olavide). 2015-2016. 21780 EUR.

Contrato: IMPARTICIÓN DEL CURSO: "ANÁLISIS Y DISEÑO DE SOFTWARE APLICADO A PHP". F Y C CONSULTORES. 2015-2015. 2133 EUR.

Patente: López Fernández, Aurelio; Rodríguez-Baena, Domingo Savio; GÓMEZ-VELA, FRANCISCO ANTONIO. SE-182-20. BIGO: UNA APLICACIÓN WEB PARA ANALIZAR DATOS DE ANALISIS DE ENRIQUECIMIENTO DE GENES.18/09/2020. Universidad Pablo de Olavide.

Patente: Rodríguez-Baena, Domingo Savio; GÓMEZ-VELA, FRANCISCO ANTONIO, Delgado Chaves, Fernando Miguel; Garcúa Torres, Miguel; Divina Federico. SE-180-20. EnGNet 1.0. 21/09/2020