

CURRICULUM VITAE

(Enero 2008)

REFERENCIAS PERSONALES:

NOMBRE: Luis Arturo Medrano Soto
SEXO: Masculino
CIUDADANIA: Mexicano
TELEFONO: (310) 206-3907
FAX: (310) 206-3914
E-MAIL: amedrano@mbi.ucla.edu
PAGINA WEB: <http://www.doe-mbi.ucla.edu/~amedrano>

POSICION ACTUAL:

Investigador Postdoctoral en el Howard Hughes Medical Institute. Trabajo con el Dr. David Eisenberg en el UCLA-DOE Institute for Genomics and Proteomics.

AREAS DE INVESTIGACION DE INTERES:

Genómica comparativa, genómica funcional, genómica lateral, Genómica Estructural, anotación de genomas, análisis de redes genético-metabólicas, biología molecular, regulación de la transcripción, evolución molecular, ciencias de la computación, estadística Bayesiana, minería de datos y descubrimiento de conocimiento en bases de datos.

EXPERIENCIA LABORAL:

Coordinador del equipo bioinformático a cargo de desarrollar la infraestructura computacional necesaria para el análisis y anotación del genoma completo de *Rhizobium etli*. 2003-2005.

Apoyo a la investigación en el Centro de Ciencias Genómicas (UNAM) en el departamento de Genómica Computacional. 2001-2003.

HISTORIA ACADEMICA:

- **Doctorado:**
INSTITUCIÓN: Centro de Ciencias Genómicas (UNAM)
POSGRADO: Doctorado en Ciencias Biomédicas
ESPECIALIDAD: Genómica Computacional
GENERACIÓN: 1997–2005
PROMEDIO GENERAL: (no se aplica a este programa de doctorado)

- **Maestría:**
INSTITUCIÓN: Instituto Tecnológico de Chihuahua
POSGRADO: Maestría en Ciencias de la Ingeniería Electrónica
ESPECIALIDAD: Computación
GENERACION: 1993–1996
PROMEDIO GENERAL: 92.89/100

- **Carrera profesional:**
INSTITUCION: Instituto Tecnológico de Chihuahua (ITCH)
LICENCIATURA: Ingeniería industrial en Electrónica
GENERACION: 1989–1993
PROMEDIO GENERAL: 88.74/100

IDIOMAS:

Bilingüe: Español-Inglés
Alemán: 70%

RECONOCIMIENTOS Y PREMIOS:

- Se me reconoció como miembro del Sistema Nacional de Investigadores (SNI). Nivel I. Septiembre 2006.
- Reconocimiento por presentar uno de los 10 mejores carteles, de entre 500, en el congreso internacional Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2002) celebrado en Edmonton, Canada. Agosto 3-8, 2002.
- Se me otorgó la beca doctoral complementaria de la Dirección General de Postgrado (DGEP) en la UNAM. 1997-2001
- Se me otorgó la beca doctoral completa del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) en la UNAM. 1997-2001.

- Mención especial por la tesis desarrollada para obtener el grado de maestro en ciencias. Noviembre 1997.
- Premio Chihuahua 1996 en el área de tecnología, con el proyecto titulado: "Aplicación de la Ingeniería de Software en el análisis del Código Genético para el Desarrollo de la Biología Molecular". Este es un premio competitivo que el estado otorga anualmente como un incentivo para los investigadores.
- Mejor promedio general de la maestría, generación 1993-1996 (incluyendo solo al postgrado). PROMEDIO GENERAL: 92.89/100
- Segundo lugar en promedio general de la generación 1993-1997 (incluyendo postgrados y licenciaturas). PROMEDIO GENERAL: 92.89/100
- Se me otorgó la beca completa para estudios de maestría por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). 1993-1996.

SOCIEDADES CIENTIFICAS:

- Miembro de la Sociedad Internacional de Biología Computacional (International Society for computational Biology – ISCB).

LISTA DE PUBLICACIONES REFEREADAS:

- **Medrano-Soto, A.** Pal, D. and Eisenberg, D. Increasing the Accuracy of Automated Protein Molecular Function Prediction: the Contribution of Functional Linkages. (Enviado)
- González, V. Santamaría, RI. Bustos, P. Hernández-González, I. **Medrano-Soto, A.** Moreno-Hagelsieb, G. Chandra-Janga, S. Ramírez, MA. Jiménez-Jacinto, V. Collado-Vides, J. and Dávila, G. The Partitioned *Rhizobium etli* Genome: Genetic and Metabolic Redundancy in Seven Interacting Replicons. (2006). *Proc Natl Acad Sci USA*. 103(10):3834-3839
- Guerrero, G. Peralta, H. Aguilar, A. Díaz, R. Villalobos, MA. **Medrano-Soto, A.** Mora, J. Evolutionary, Structural, and Functional Relationships Revealed by Comparative Analysis of Syntenic Genes in Rhizobiales. (2005). *BMC Evol Bio* 5:55
- Ramírez, M. Graham, MA. Blanco-López, L. Silvente, S. **Medrano-Soto, A.** Blair, MW, Hernández, G. Vance, CP, Lara, M. Sequencing and Analysis of common bean ESTs: Building a Foundation for Functional Genomics. (2005). *Plant Physiol* 137(4):1211-1227 (POR INVITACION).
- **Medrano-Soto, A.** Christen, JA. Collado-Vides, J. BClass: A Bayesian approach based on mixture models for clustering and classification of heterogeneous biological data. (2005). *Journal of Statistical Software*. 13(2):1–18. (POR INVITACION)

- **Medrano-Soto, A.** Uso de Codones, Traducibilidad, Niveles de Expresión y Transferencia Horizontal: ¿Hemos Sobreinterpretado Nuestros Organismos Modelo? (2005) Tesis de Doctorado. Centro de Ciencias Genómicas, UNAM. (En Español)
- **Medrano-Soto, A.** Moreno-Hagelsieb, G. Vinuesa, P. Christen, JA. Collado-Vides, J. Successful lateral transfer requires codon usage compatibility between foreign genes and recipient genomes. (2004), *Mol Biol Evol* 21(10):1884–1894
- Valderrama, B. Oliver, P. **Medrano-Soto, A.** Vázquez-Duhalt, R. Evolutive and structural diversity within fungal laccases. (2003). *Antoine van Leeuwenhoek* 84:289–299.
- González, V. Bustos, P. Ramírez-Romero, M. **Medrano-Soto, A.** Salgado, H. Hernández-González, I. Hernández-Celis, C. Quintero, V. Moreno-Hagelsieb, G. Girard, L. Rodríguez, O. Flores, M. Cevallos, M. A. Collado-Vides, J. Romero, D. Dávila, G. The mosaic structure of Symbiotic plasmid of *Rhizobium etli* and its relation with other symbiotic genome compartments. (2003). *Genome Biology* 4(6):R36
- Collado-Vides J. **Medrano-Soto A.** Tusie-Luna MT. With the finished human genome in hand, what next? (2003) *Genome Biology* 4(7):328. (POR INVITACION)
- Collado-Vides, J. Moreno-Hagelsieb, G. **Medrano-Soto, A.** Microbial Computational Genomics of Gene Regulation. *Pure Applied Chem* (2002). 74(6):889-895
- Clemente-Salazar, M. Fuentes-Moor, A. **Medrano-Soto, A.** Sistema Informático para analizar ADN. (1999). *Soluciones Avanzadas* 68:56–60 (artículo en Español)

CAPITULOS EN LIBROS:

- Collado-Vides, J. **Medrano-Soto, A.** La Biología Computacional Antes, Durante y Después de los Genomas. En: Fronteras de la biología en los inicios del siglo XXI. Módulo I: Genómica, Proteómica y Bioinformática. (Ed. Francisco Bolívar Zapata). Pp:155–168. EL COLEGIO NACIONAL. (2003). ISBN: 970-640-208-X
- Collado-Vides, J. Moreno-Hagelsieb, G. Pérez-Rueda, E. Salgado H. Huerta, AM. Gutiérrez, RM. Rosenblueth, DA. Christen, A. Benítez-Bellón, E. **Medrano-Soto, A.** Gama-Castro, S. Santos-Zavaleta, A. Bonavides-Martínez, C. Díaz-Peredo, E. Sánchez-Solano, F. Millan, DM. Genomics of Gene Regulation: The view from *Escherichia coli*. En: Gene Regulation and Metabolism: Post-Genomic Computational Approaches. (Editors Hofstaedt R. and Collado-Vides J.) Pp 103–128. MIT Press. (2002). ISBN: 0-262-03297-X

ARTICULOS REFEREADOS PUBLICADOS EN MEMORIAS DE CONGRESOS (EN ESPAÑOL):

- **Medrano–Soto A.**, Clemente Salazar M. A., Ibanez González J. L., Arévalo Gallegos S., Pacheco Loya J. Fuentes Moor A. Simulación por Software de los Procesos Genéticos en la Síntesis de Proteínas. ELECTRO 96. Chihuahua Chih. Octubre, 1996.
- **Medrano–Soto A.**, Clemente Salazar M. A., Ibanez González J. L., Arévalo Gallegos S., Pacheco Loya J. Fuentes Moor A. Aplicación de la Ingeniería de Software al Análisis de Secuencias nucleotídicas de ADN y ARN". III Congreso Nacional de Biotecnología. Chihuahua, Chih. Octubre, 1996.
- **Medrano–Soto A.**, Clemente Salazar M. A. Un Simulador de Operaciones Transgénicas. VI Reunión de Investigación de Chihuahua. Chihuahua, Chih. Diciembre 1995.
- **Medrano–Soto A.**, Clemente Salazar M. A. Diseño de una base de datos para un simulador de operaciones transgénicas. ELECTRO 95. Chihuahua, Chih. Octubre 1995.
- **Medrano–Soto A.**, Clemente Salazar M. A. Diseño de una Base de Datos para manejar información en investigación sobre Tecnología de Alimentos y NutriAlimentación. IEEE REUNE 95. Aguascalientes, México. Octubre, 1995.
- **Medrano–Soto A.**, Clemente Salazar M. A. Diseño de Software para Investigación en Tecnología de Alimentos y NutriAlimentación. CIENTITECH No 1. Chihuahua Chih. Junio, 1995.

PARTICIPACIÓN COMO REFERI PARA LAS SIGUIENTES REVISTAS INTERNACIONALES Y MEMORIAS DE CONGRESOS:

- Trends in Genetics (<http://www.trends.com/tig/default.htm>).
- Nucleic Acids Research (<http://nar.oupjournals.org>)
- FEBS Letters (<http://www.febsletters.org>).
- Research in Microbiology (<http://www.sciencedirect.com/science/journal/09232508>).
- *In Silico* Biology (<http://www.bioinfo.de/isb>)
- Canadian Journal of Microbiology (http://pubs.nrc-cnrc.gc.ca/cgi-bin/rp/rp2_desc_e?cjm)
- Memorias del 2005 IEEE Computational Bioinformatics Conference (CBC'05). Agosto 2005. Stanford, CA USA.

CONGRESOS, CURSOS, PLATICAS Y PRESENTACION DE CARTELES:

- Cartel: Integrated Center for Structure and Function Innovation (The ISFI). (en Inglés) 2008 Keystone Symposium on Structural Genomics and its Applications to Chemistry, Biology, and Medicine. Steamboat Springs, Colorado USA. January 6-11, 2008.
- Plática: ProKnow 2.0 The Contribution of Functional Linkages to Molecular Function Prediction. (en Inglés) ISFI Conference 2007. Los Angeles, California, USA. September 16-17, 2007. (POR INVITACION)
- Plática: Genómica Computacional: Retos Actuales y su aportación al descubrimiento de conocimiento Biológico. (en Español). CICESE. Ensenada, Baja California, Mexico. Marzo 16, 2007. (POR INVITACION)
- Plática: ¿Cómo se anota un genoma bacteriano? (en Español) Video-conferencia entre la UCLA y el CCG (UNAM) como soporte a la Licenciatura en Ciencias Genómicas del Centro de Ciencias Genómicas en la UNAM. November 14, 2006. Cuernavaca, Mexico. (POR INVITACION)
- Plática: ProKnow with ProLinks: and enhanced structure-to-function metaserver. (en Inglés) ISFI Conference 2006. University of Virginia. October 1-2, 2006. Charlottesville, VA. USA.
- Cartel: Investigating the contribution of Functional linkages to protein function prediction. Symposium: Basic Research in Support of World Energy Needs. UCLA-DOE Institute for Genomics and Proteomics. Septiembre 6, 2006. Los Angeles, California. USA.
- Cartel: ProKnow 2.0: Assessing the contribution of functional linkages to function prediction. Automated Function Prediction 2006 (AFP2006). Agosto 30-Septiembre 1, 2006. San Diego, California. USA.
- Plática: The Challenge of knowledge Discovery in Genomic Sciences. (en Inglés). IEEE El Paso Section. University of Texas at El Paso (UTEP). Noviembre 18, 2005. El Paso, Texas. USA (POR INVITACION).
- Plática: Challenging the Compositional Paradigm in Horizontal Gene Transfer Prediction: a comparative genomics approach. (en Inglés). University of Texas at El Paso. November 18, 2005. El Paso, Texas. USA (POR INVITACION).
- Asistí: Integrated Center for Structure and Function Innovation Conference. Los Alamos, Nuevo Mexico, USA. Octubre 1-2, 2005.
- Plática: Successful horizontal gene transfer requires codon usage compatibility between foreign genes and recipient genomes. (En Inglés). UCLA-DOE Institute for Genomics and Proteomics. Julio 13-14, 2005. Los Angeles, California USA (POR INVITACION).

- Plática: Aplicación de la genómica comparativa para evaluar el paradigma composicional en la detección de transferencias laterales recientes. (En español). XXVIII Congreso Nacional de Química Clínica. Marzo 7–9, 2005. México DF. (POR INVITACION)
- Cartel: Víctor González, Patricia Bustos, Rosa I. Santamaría, Ismael L. Hernández-González, **Arturo Medrano-Soto**, Sarath Chandra, Gabriel Moreno-Hagelsieb, Miguel A. Ramírez, Rosa E. Gómez, José L. Fernández, Julio Collado-Vides, and Guillermo Dávila. The complete genome sequence of *Rhizobium etli*. 6th European Nitrogen Fixation Conference. Julio 24-27, 2004. Toulouse, Francia.
- Cartel: Successful Lateral transfer requires codon usage compatibility between foreign genes and recipient genomes. Fourth International Workshop on Bioinformatics and Systems Biology. Mayo 31-Junio 3 de 2004. Kyoto, Japón.
- Tomé el curso: Administración Avanzada de Sistemas en Solaris 9. Sun Microsystems CO. Noviembre 24-28, 2003. Cuernavaca, Morelos.
- Plática: Genómica Computacional. (En Español). Facultad de estudios superiores Zaragoza. Junio 27, 2003. Cuernavaca, Morelos. (POR INVITACION)
- Cartel: Successful horizontal gene transfer requires codon usage compatibility between genomes. Human Genome Meeting 2003 (HGM2003). Abril 27-30, 2003. Cancún. México.
- Cartel: Rafael Díaz, Miguel Ángel Villalobos, **Arturo Medrano-Soto**, Sergio Encarnación, Jaime Mora. Comparative Genomics of Rhizobiaceae. Human Genome Meeting 2003 (HGM2003). Abril 27-30, 2003. Cancún. México.
- Cartel: Víctor González, Miguel A. Ramírez-Romero, Patricia Bustos, Rosa I. Santamaría, Ismael Hernández-González, Carmen Castañeda, Rosa E. Gómez, José A. Martínez, Jose L. Fernández, **Arturo Medrano-Soto**, Gabriel Moreno-Hagelsieb, Heladia Salgado, Julio Collado-Vides, Guillermo Dávila. The *Rhizobium etli* genome project: a model for plant-bacteria interaction. Human Genome Meeting 2003 (HGM2003). Abril 27-30 de 2003. Cancún. México.
- Plática: BClass, self-organizing maps for classification of heterogeneous biological variables (En Inglés). International course on the use of DNA microarrays in basic and applied research. Instituto de fisiología celular UNAM, Mexico D.F. Septiembre 23-27, 2002. (POR INVITACION)
- Cartel: Salgado, H. Sánchez-Lozano, F. Díaz-Peredo, E. Gamma-Castro, S. García-Alonso, D. Pérez-Rueda, E. Jiménez-Jacinto, V. **Medrano-Soto**, A. Moreno-Hagelsieb, G. Collado-Vides, J. From RegulonDB to a Multigenomic Microbial Database of Operon Organization and Gene Regulation. Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2002). Agosto 3-8, 2002. Edmonton, Canada.

- Plática: Cuestionando el paradigma composicional en la detección de eventos recientes de transferencia horizontal. (en Español). XXXII Congreso Nacional de Biotecnología. Monterrey, Nuevo Leon. Mexico. Abril 3-7, 2002. (POR INVITACION).
- Plática: Challenging the compositional paradigm in Horizontal Gene Transfer detection. (En Inglés). International Symposium CIFN XX aniversario. Cuernavaca, Morelos. Diciembre 5-7, 2001. (POR INVITACION)
- Plática: BClass: Bayesian Self-Organizing Maps for Classification of Heterogeneous Biological Variables: An Application to Transcriptome and Phylogenetic Profile data. (En Inglés). Information and Simulation Systems for the Analysis of Gene Regulation and Metabolic Pathways. Schloss Dagstuhl, Wadern, Saarbruecken Alemania. Junio 24-29, 2001. (POR INVITACION)
- Plática: Cuestionando el paradigma composicional en la detección de eventos recientes de transferencia horizontal. (En Español). Centro de Biotecnología Genómica (IPN). Reynosa, Tamaulipas, Mexico. Marzo 1, 2001. (POR INVITACION)
- Plática: Aplicando minería de datos y descubrimiento de conocimiento para el análisis de experimentos de expresión a gran escala: transcriptoma y proteoma. (En Español). Curso: Introducción a la bioinformática. Morelos, México. Febrero 19-23 2001. (POR INVITACION)
- Plática: Bioinformática: métodos computacionales en las ciencias genómicas. (En Español) Simposium internacional de informatica y computación 2000 (SIINCO 2000). Chihuahua, México. Octubre 16-21, 2000. (POR INVITACION)
- Plática: Bayesian Clustering and Prediction using Multivariate Mixtures, An Approach to Knowledge Discovery in Biological Databases. (En Inglés). Molecular Sciences Institute. Berkeley, California. USA. Marzo 13, 2000. (POR INVITACION)
- Plática: Bayesian Classification of Heterogeneous Biological Data and Multivariate Statistics Applied to Codon Usage in *E. Coli*. (En Inglés). Smithkline Beecham Co. Upper Merion Campus. Philadelphia, PA. USA. Diciembre 14, 1999. (POR INVITACION)
- Plática: BClass: Bayesian Self-Organizing Maps for Clustering and Classification of Heterogeneous Biological Databases. (En Inglés). After The Genome V (ATG V). Jackson Lake Lodge. Jackson Hole, Wyoming, USA. Octubre 6-10, 1999. (POR INVITACION)
- Cartel: BClass: A General Bayesian Classification Utility for Heterogeneous Databases (En Inglés). Second European Conference on Highly Structured Stochastic Systems (hsss99). Pavia, Italia. Septiembre 13-17, 1999.
- Plática: BClass: A General Bayesian Classification Tool for Knowledge Discovery in Heterogeneous Biological Databases. (En Ingles). International Bioinformatics Summer School (IBSS'99). Otto-Von-Guericke Universitaet. Magdeburg, Alemania. Septiembre 5-10, 1999.

- Asistí: International Workshop on the Linguistics of Biology and the Biology of Language. Centro de Investigación sobre Fijación de Nitrógeno (CIFN). Cuernavaca, Morelos. Marzo 1998.
- Tomé el curso: Bioinformatics: Computer Methods in Molecular Biology. International Center for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB). Trieste, Italia. Septiembre 1997.
- Tomé el curso: Transact-SQL (SyBase). DGSCA-UNAM. Cuernavaca, Mor. Julio-Agosto 1997.
- Tomé el Curso: Genética. Universidad Autónoma de Chihuahua (UACH). Chihuahua Chih. Febrero-Junio 1996.
- Plática: Análisis computacional de la estructura de proteínas en base a la secuencia de aminoácidos. (En Español). Universidad Autónoma de Chihuahua (UACH). Chihuahua Chih. Noviembre 1996. (POR INVITACION)
- Plática: Simulación por software de los procesos genéticos en la síntesis de proteínas. (En Español). XVIII Congreso académico internacional de ingeniería eléctrica y electrónica ELECTRO'96. Chihuahua Chih. Octubre 1996.
- Plática: Aplicación de la ingeniería de software al análisis de secuencias de ADN y ARN. (En Español). III Congreso Nacional de Biotecnología. Chihuahua, Chih. Octubre 1996.
- Plática: Un simulador de operaciones transgénéticas. (En Español). VI Reunión de Investigación de Chihuahua. Chihuahua, Chih. Diciembre 1995.
- Plática: Diseño de una base de datos para un simulador de operaciones transgénéticas. (En Español). XVIII Congreso académico internacional de ingeniería eléctrica y electrónica ELECTRO 95. Chihuahua, Chih. Octubre 1995.
- Plática: Diseño de una Base de Datos para manejar información en investigación sobre Tecnología de Alimentos y NutriAlimentación. (En Español) IEEE REUNE 95. Aguascalientes, México. Octubre, 1995.
- Asistí: International Symposium on Artificial Intelligence. ITESM campus Monterrey. Monterrey, Nuevo León. México. Octubre 1994.

EXPERIENCIA DOCENTE:

- Profesor invitado para apoyar la licenciatura en Ciencias Genómicas de la UNAM con la clase: Introducción a la Bioinformática. Cuernavaca, Morelos. Mayo 4–10, 2005.
- Profesor invitado para apoyar los cursos de actualización a maestros de la escuela nacional preparatoria de la UNAM con las clases: (1) Evolución y filogenia molecular; y (2) Introducción a la Bioinformática. Febrero–Junio, 2004. Cuernavaca, Morelos.

- Profesor invitado para apoyar la licenciatura en Ciencias Genómicas de la UNAM con la clase: Alineamiento de secuencias y detección de genes. Cuernavaca, Morelos. Marzo 26, 2004.
- Profesor invitado para apoyar la Maestría en Ciencias del Centro de Biotecnología Genómica (CBG) del IPN con la clase: Filogenia Molecular. Reynosa Tamaulipas. Febrero 28–Marzo 1, 2001.

TESIS DIRIGIDAS O CODIRIGIDAS:

- Codirigida: Aplicación de la Bioinformática en el Análisis Filogenético de las Enzimas con Actividad de Lacasa Producidas por Hongos Ligninolíticos. Alumna: Patricia María Rufina Oliver Ocaño. Universidad de Sonora. Junio de 2002

DIVULGACION DE LA CIENCIA:

- Participación en el programa de televisión **Con...ciencia** con la entrevista: “Genómica Computacional”. Dentro de un espacio dedicado a la pregunta: **¿Qué es la Ciencia Genómica?** Canal 3 estado de Morelos. Diciembre 13, 14 y 18 de 2004.