

# Adrián Segura Ortiz

663640389

Málaga, Spain

[ORCID 0000-0003-2149-5754](#)

[LinkedIn](#)

[GitHub](#)

[Docker Hub](#)

## Resumen

Investigador en inteligencia artificial y bioinformática centrado en métodos computacionales guiados por contexto para el análisis de datos biomédicos. Soy investigador en inteligencia artificial aplicada a bioinformática, con una base sólida en informática y trabajo en la intersección de métodos computacionales, análisis de datos biomédicos, computación evolutiva y software científico reproducible.

Mi formación académica comprende Bachelor's Degree in Health Engineering with a specialization in Bioinformatics por Universidad de Málaga; Master's degree in Software Engineering and Artificial Intelligence por Universidad de Málaga; y Ph.D. in Computer Science por Universidad de Málaga. Mi experiencia profesional abarca 5 años y 7 meses en Universidad de Málaga. Esta trayectoria se complementa con estancias de investigación de 2 meses en Kiyono Lab, perteneciente a GSES, perteneciente a The University of Osaka, ubicado en Toyonaka, Japan; 1 mes en INAB, perteneciente a Centre for Research and Technology Hellas, ubicado en Thermi, Greece; 1 mes en ORKAD, perteneciente a CRISTAL, perteneciente a Université de Lille, ubicado en Lille, France; 3 meses en Athena Research and Innovation Center in Information, Communication and Knowledge Technologies, ubicado en Athens, Greece; y 3 meses en ORKAD, perteneciente a CRISTAL, perteneciente a Université de Lille, ubicado en Lille, France, para un total de 10 meses en el extranjero.

Mi producción investigadora incluye 6 artículos de revista y 1 artículo de congreso. El registro de publicaciones incluye 2 artículos en colaboración internacional y 1 artículo en colaboración nacional. En proyectos de investigación financiados, he participado como miembro del equipo de trabajo en 4 proyectos de investigación. He revisado 15 manuscritos para revistas científicas.

El portafolio de software incluye 16 proyectos software y 4 paquetes publicados. La actividad pública de software abarca 15 repositorios, con 64 estrellas y 3 forks. El uso de paquetes suma 21.100 descargas.

Mi actividad docente incluye 4 cursos académicos en Universidad de Málaga, alcanzando 180 horas de docencia, 4 cursos académicos, 8 asignaturas y 4 titulaciones. Esta actividad docente comenzó en el curso 2022/2023 en la Universidad de Málaga, siendo en ese momento el docente más joven en incorporarse a labores docentes en el Departamento de Lenguajes y Ciencias de la Computación, algo que sería reconocido en 2026 en una carta de recomendación firmada por el director de la ETSII de la UMA. También incluye 1 proyecto de innovación docente. La supervisión académica incluye 1 trabajo fin de grado y 1 práctica externa.

La actividad de divulgación científica incluye 2 artículos de divulgación científica, 2 presentaciones, 27 noticias de prensa, 17 acciones en redes sociales y 1 acción en televisión. La cobertura en prensa abarca 14 medios. Las acciones en redes sociales con métricas disponibles acumulan 68.300 visualizaciones, con una acción destacada de 38.700 visualizaciones.

Esta trayectoria académica ha sido reconocida y apoyada mediante reconocimientos: Master's End-of-Program Extraordinary Award Profesor José María Troya Linero; Bachelor's End-of-Program Extraordinary Award Profesor José María Troya Linero; Destacad@s Awards 2021; y Award for the Best High School Academic Record; ayudas: D2 research stay grant, vinculada a Investigador postdoctoral (estancia internacional) en The University of Osaka; IMMUNO-model COST Action STSM grant, vinculada a Investigador postdoctoral (estancia internacional) en Centre for Research and Technology Hellas; ROAR-NET COST Action mobility grant, vinculada a Investigador postdoctoral (estancia internacional) en Université de Lille; FPU mobility grant, vinculada a Investigador postdoctoral (estancia internacional) en Athena Research and Innovation Center in Information, Communication and Knowledge Technologies; FPU mobility grant, vinculada a Investigador predoctoral (estancia internacional) en Université de Lille; y Predoctoral grant (FPU), vinculada a PhD candidate - FPU Fellowship en Universidad de Málaga y Postdoctoral researcher - FPU-POP Fellowship en Universidad de Málaga.

## Formación

|                  |                                                                                                                                          |
|------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| PHD              |                                                                                                                                          |
| Título:          | Ph.D. in Computer Science                                                                                                                |
| Fecha:           | 2022-10 - 2025-12                                                                                                                        |
| Institución:     | <a href="#">Universidad de Málaga</a>                                                                                                    |
| Programa:        | Programa Oficial de Doctorado en Tecnologías Informáticas                                                                                |
| Calificación:    | Outstanding (Cum Laude) with International Mention                                                                                       |
| Doctoral thesis: | Context-Guided Computational Methods for the Consensus Inference of Gene Regulatory Networks and the Detection of Co-expression Patterns |
| Ayudas:          | <a href="#">Predoctoral grant (FPU)</a>                                                                                                  |

|                       |                                                                                                               |
|-----------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| MSC                   |                                                                                                               |
| Título:               | Master's degree in Software Engineering and Artificial Intelligence                                           |
| Fecha:                | 2021-10 - 2022-07                                                                                             |
| Institución:          | <u>Universidad de Málaga</u>                                                                                  |
| Calificación:         | 9.67/10 (With Honors in 6 subjects)                                                                           |
| Final Master Project: | New advances in evolutionary machine learning for gene regulatory network inference                           |
| Reconocimientos:      | <u>Master's End-of-Program Extraordinary Award Profesor José María Troya Linero</u>                           |
| BSC                   |                                                                                                               |
| Título:               | Bachelor's Degree in Health Engineering with a specialization in Bioinformatics                               |
| Fecha:                | 2017-10 - 2021-07                                                                                             |
| Institución:          | <u>Universidad de Málaga</u>                                                                                  |
| Calificación:         | 8.89/10 (With Honors in 17 subjects)                                                                          |
| Final Degree Project: | Design of a workflow for the analysis of massive sequencing data                                              |
| Reconocimientos:      | <u>Bachelor's End-of-Program Extraordinary Award Profesor José María Troya Linero, Destacad@s Awards 2021</u> |

Experiencia

Khaos Research  
Málaga, Andalusia, Spain · 2021-07 - Actualidad · 5 años y 3 meses  
Associate Team Coordinator <- Associate Software Engineer <- Junior Software Engineer

Associate Team Coordinator  
Tiempo parcial · 2025-12 - Actualidad · 10 meses

Associate Software Engineer  
Tiempo parcial · 2022-12 - 2025-12 · 3 años y 1 mes

Tareas:

- Desarrollé una herramienta de orquestación de flujos de trabajo en Go con almacenamiento SQLite, definiciones de componentes en JSON/YAML y soporte de ejecución en Kubernetes y Nomad.
- Administré recursos computacionales con Proxmox y vSphere para despliegue, mantenimiento y monitorización de máquinas virtuales.
- Procesé imágenes satelitales multifuente de Sentinel-2, PlanetScope y Landsat, incluyendo automatización de descargas, compuestos temporales, índices espectrales y manipulación de bandas.
- Desarrollé interfaces Gradio para ejecución de modelos de teledetección y visualización de resultados.
- Mantuve instalaciones, actualizaciones, despliegues y flujos de gestión de proyectos en OpenProject.

Junior Software Engineer  
Tiempo completo · 2021-07 - 2022-12 · 1 año y 6 meses

Tareas:

- Desarrollé aplicaciones web progresivas con Next.js y MongoDB para registro y análisis de muestras agrícolas.
- Encapsulé scripts en Python, Java y R en contenedores Docker para componentes de EnBiC2-Lab.
- Desarrollé un algoritmo evolutivo con JMetal y simulaciones EPANET para predecir propiedades de conectores de riego.
- Contribuí a interfaces Angular para ejecución de flujos de trabajo científicos.
- Gestioné tareas y coordinación de proyectos mediante OpenProject.

Universidad de Málaga  
Málaga, Andalusia, Spain · 2022-12 - Actualidad · 3 años y 10 meses  
Postdoctoral researcher - FPU-POP Fellowship <- PhD candidate - FPU Fellowship

Postdoctoral researcher - FPU-POP Fellowship  
Tiempo completo · 2025-12 - Actualidad · 10 meses  
Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
Ayudas: Predoctoral grant (FPU)

PhD candidate - FPU Fellowship  
Tiempo completo · 2022-12 - 2025-12 · 3 años y 1 mes  
Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
Ayudas: Predoctoral grant (FPU)  
Tareas:

- Diseñé algoritmos evolutivos y métodos híbridos de inteligencia artificial para problemas de bioinformática.
- Integré más de 25 técnicas de inferencia de redes de regulación génica en entornos Docker reproducibles y paquetes PyPI.
- Desarrollé algoritmos evolutivos asíncronos y paralelos para consenso de redes informado biológicamente.
- Implementé algoritmos de biclustering multiobjetivo para datos clínicos y genómicos.
- Publiqué resultados en revistas revisadas por pares y presenté trabajos en congresos con activos abiertos de reproducibilidad.
- Impartí 8 asignaturas de grado en 4 titulaciones durante 4 cursos académicos.
- Supervisé 1 trabajo fin de grado y 1 práctica externa.

Laboratorio de Biología Molecular del Cáncer

Málaga, Andalusia, Spain · 2021-03 - 2021-06 · 4 meses

Student Trainee

Student Trainee

Prácticas · 2021-03 - 2021-06 · 4 meses

Tareas:

- Desarrollé un pipeline automatizado de análisis NGS para muestras tumorales en el supercomputador Picasso.
- Programé scripts en Bash y R con GNU Parallel para procesamiento de muestras a gran escala.
- Integré FastQC, MultiQC, Qualimap y vcftoolz compare para control de calidad y visualización.
- Evalué distintos alineadores y detectores de variantes para reducir falsos positivos.
- Anoté variantes usando ANNOVAR, OpenCRAVAT, MyVariant y bases de datos biomédicas.
- Detecté alteraciones en el número de copias y fusiones génicas mediante informes unificados en R.

Estancias de investigación

ESTANCIA INTERNACIONAL

**Título:** Investigador postdoctoral (estancia internacional)  
**Fecha:** 2026-10 - 2026-11  
**Institución:** [The University of Osaka](#), [Graduate School of Engineering Science](#), [Kiyono Lab](#)  
**Información adicional:** Toyonaka, Japan  
**Finalidad:** Investigación postdoctoral  
**Descripción:** Estancia internacional postdoctoral en Kiyono Lab, Graduate School of Engineering Science, The University of Osaka.  
**Ayudas:** [D2 research stay grant](#)

ESTANCIA INTERNACIONAL

**Título:** Investigador postdoctoral (estancia internacional)  
**Fecha:** 2026-09 - 2026-09  
**Institución:** [Centre for Research and Technology Hellas](#), [INAB|CERTH](#)  
**Información adicional:** Thermi, Greece  
**Finalidad:** Investigación postdoctoral  
**Descripción:** Estancia internacional postdoctoral en el Institute of Applied Biosciences de CERTH.  
**Ayudas:** [IMMUNO-model COST Action STSM grant](#)

ESTANCIA INTERNACIONAL

**Título:** Investigador postdoctoral (estancia internacional)  
**Fecha:** 2026-07 - 2026-07  
**Institución:** [Université de Lille](#), [CRIStAL](#), [ORKAD](#)  
**Información adicional:** Lille, France  
**Finalidad:** Investigación postdoctoral  
**Descripción:** Estancia internacional postdoctoral en el centro CRIStAL de la Universidad de Lille centrada en biclustering evolutivo quality-diversity y experimentación reproducible para datos heterogéneos.  
**Ayudas:** [ROAR-NET COST Action mobility grant](#)

ESTANCIA INTERNACIONAL

**Título:** Investigador postdoctoral (estancia internacional)  
**Fecha:** 2026-04 - 2026-06  
**Institución:** [Athena Research Center](#)  
**Información adicional:** Athens, Greece  
**Finalidad:** Investigación postdoctoral  
**Descripción:** Estancia internacional postdoctoral en Athena Research Center centrada en flujos reproducibles de benchmarking para descubrimiento y evaluación de redes de regulación génica.  
**Ayudas:** [FPU mobility grant](#)

ESTANCIA INTERNACIONAL

**Título:** Investigador predoctoral (estancia internacional)  
**Fecha:** 2024-04 - 2024-06  
**Institución:** [Université de Lille](#), [CRIStAL](#), [ORKAD](#)  
**Información adicional:** Lille, France  
**Finalidad:** Doctorado  
**Descripción:** Estancia internacional predoctoral en el centro CRIStAL de la Universidad de Lille.  
**Ayudas:** [FPU mobility grant](#)

Publicaciones

|                     |                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|---------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ARTÍCULO DE REVISTA |                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| Publicación:        | <a href="#">Deciphering the Influence of Gut Microbiome Disruption on Human Health Through Multi-Algorithm Approaches</a>                                                                                                                                                                         |
| Fecha:              | 2026-05-09                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| Autores:            | Bohdan Vodianyuk, María Luisa Antequera-Gómez, Adrián Segura-Ortiz, Anton Popov, José García-Nieto, Ismael Navas-Delgado                                                                                                                                                                          |
| Revista:            | Current Bioinformatics                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| Editorial:          | Bentham Science Publishers Ltd.                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| DOI:                | <a href="#">10.2174/0115748936437763260125211015</a>                                                                                                                                                                                                                                              |
| Organizaciones:     | <a href="#">Khaos Research</a> , <a href="#">ITIS</a> , <a href="#">Universidad de Málaga</a> , <a href="#">IBIMA Plataforma BIONAND</a> , <a href="#">Instituto de Ingeniería Oceánica</a> , <a href="#">National Technical University of Ukraine "Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute"</a> |
| Puestos:            | <a href="#">Associate Team Coordinator</a> , <a href="#">Postdoctoral researcher - FPU-POP Fellowship</a>                                                                                                                                                                                         |
| Ayudas:             | <a href="#">Predoctoral grant (FPU)</a>                                                                                                                                                                                                                                                           |

|                     |                                                                                                                                          |
|---------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ARTÍCULO DE REVISTA |                                                                                                                                          |
| Publicación:        | <a href="#">Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach</a>               |
| Fecha:              | 2025-12-06                                                                                                                               |
| Autores:            | Adrián Segura Ortiz, Antonio Jesús Nebro Urbaneja, José Manuel García Nieto, José Francisco Aldana Montes                                |
| Revista:            | Computational Biology and Chemistry                                                                                                      |
| Editorial:          | Elsevier                                                                                                                                 |
| DOI:                | <a href="#">10.1016/j.compbiolchem.2025.108827</a>                                                                                       |
| Organizaciones:     | <a href="#">Khaos Research</a> , <a href="#">ITIS</a> , <a href="#">Universidad de Málaga</a> , <a href="#">IBIMA Plataforma BIONAND</a> |
| Software:           | <a href="#">PBEvoGen</a>                                                                                                                 |
| Puestos:            | <a href="#">PhD candidate - FPU Fellowship</a>                                                                                           |
| Ayudas:             | <a href="#">Predoctoral grant (FPU)</a>                                                                                                  |

|                     |                                                                                                                                                                                                                |
|---------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ARTÍCULO DE REVISTA |                                                                                                                                                                                                                |
| Publicación:        | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a>                                                             |
| Fecha:              | 2025-09-01                                                                                                                                                                                                     |
| Autores:            | Adrián Segura Ortiz, Karen Giménez Orenga, José Manuel García Nieto, Elisa Oltra, José Francisco Aldana Montes                                                                                                 |
| Revista:            | Computers in Biology and Medicine                                                                                                                                                                              |
| Editorial:          | Elsevier                                                                                                                                                                                                       |
| DOI:                | <a href="#">10.1016/j.combiomed.2025.110632</a>                                                                                                                                                                |
| Organizaciones:     | <a href="#">Khaos Research</a> , <a href="#">ITIS</a> , <a href="#">Universidad de Málaga</a> , <a href="#">IBIMA Plataforma BIONAND</a> , <a href="#">Universidad Católica de Valencia San Vicente Mártir</a> |
| Software:           | <a href="#">BIO-INSIGHT</a>                                                                                                                                                                                    |
| Puestos:            | <a href="#">PhD candidate - FPU Fellowship</a>                                                                                                                                                                 |
| Ayudas:             | <a href="#">Predoctoral grant (FPU)</a>                                                                                                                                                                        |

|                     |                                                                                                                                                                                                                                                             |
|---------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ARTÍCULO DE REVISTA |                                                                                                                                                                                                                                                             |
| Publicación:        | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                                                                                                                                   |
| Fecha:              | 2025-05-29                                                                                                                                                                                                                                                  |
| Autores:            | Adrián Segura Ortiz, Adán José García, Laetitia Jourdan, José Manuel García Nieto                                                                                                                                                                           |
| Revista:            | Computer Methods and Programs in Biomedicine                                                                                                                                                                                                                |
| DOI:                | <a href="#">10.1016/j.cmpb.2025.108846</a>                                                                                                                                                                                                                  |
| Organizaciones:     | <a href="#">Khaos Research</a> , <a href="#">ITIS</a> , <a href="#">Universidad de Málaga</a> , <a href="#">IBIMA Plataforma BIONAND</a> , <a href="#">Université de Lille</a> , <a href="#">CRISTAL</a> , <a href="#">ORKAD</a> , <a href="#">INFINITE</a> |
| Software:           | <a href="#">MOEBA-BIO</a>                                                                                                                                                                                                                                   |
| Puestos:            | <a href="#">PhD candidate - FPU Fellowship</a>                                                                                                                                                                                                              |
| Estancias:          | <a href="#">Investigador predoctoral (estancia internacional)</a>                                                                                                                                                                                           |
| Ayudas:             | <a href="#">Predoctoral grant (FPU)</a> , <a href="#">FPU mobility grant</a>                                                                                                                                                                                |

|                     |                                                                                                                                          |
|---------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ARTÍCULO DE REVISTA |                                                                                                                                          |
| Publicación:        | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>  |
| Fecha:              | 2024-09-16                                                                                                                               |
| Autores:            | Adrián Segura Ortiz, José Manuel García Nieto, José Francisco Aldana Montes, Ismael Navas Delgado                                        |
| Revista:            | Computers in Biology and Medicine                                                                                                        |
| DOI:                | <a href="#">10.1016/j.combiomed.2024.108850</a>                                                                                          |
| Organizaciones:     | <a href="#">Khaos Research</a> , <a href="#">ITIS</a> , <a href="#">Universidad de Málaga</a> , <a href="#">IBIMA Plataforma BIONAND</a> |
| Software:           | <a href="#">MO-GENECI</a>                                                                                                                |
| Puestos:            | <a href="#">PhD candidate - FPU Fellowship</a>                                                                                           |
| Ayudas:             | <a href="#">Predoctoral grant (FPU)</a>                                                                                                  |

|                      |                                                                                                                                          |
|----------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ARTÍCULO DE CONGRESO |                                                                                                                                          |
| Publicación:         | <a href="#">Exploiting medical-expert knowledge via a novel memetic algorithm for the inference of gene regulatory networks</a>          |
| Fecha:               | 2024-06-28                                                                                                                               |
| Autores:             | Adrián Segura Ortiz, José Manuel García Nieto, José Francisco Aldana Montes                                                              |
| Congreso:            | International Conference on Computational Science                                                                                        |
| Editorial:           | Springer Nature Switzerland                                                                                                              |
| DOI:                 | <a href="#">10.1007/978-3-031-63772-8_1</a>                                                                                              |
| Organizaciones:      | <a href="#">Khaos Research</a> , <a href="#">ITIS</a> , <a href="#">Universidad de Málaga</a> , <a href="#">IBIMA Plataforma BIONAND</a> |
| Software:            | <a href="#">Memetic-GENECI</a>                                                                                                           |
| Puestos:             | <a href="#">PhD candidate - FPU Fellowship</a>                                                                                           |
| Ayudas:              | <a href="#">Predoctoral grant (FPU)</a>                                                                                                  |
| ARTÍCULO DE REVISTA  |                                                                                                                                          |
| Publicación:         | <a href="#">GENECI: A novel evolutionary machine learning consensus-based approach for the inference of gene regulatory networks</a>     |
| Fecha:               | 2023-02-14                                                                                                                               |
| Autores:             | Adrián Segura Ortiz, José Manuel García Nieto, José Francisco Aldana Montes, Ismael Navas Delgado                                        |
| Revista:             | Computers in Biology and Medicine                                                                                                        |
| DOI:                 | <a href="#">10.1016/j.combiomed.2023.106653</a>                                                                                          |
| Organizaciones:      | <a href="#">Khaos Research</a> , <a href="#">ITIS</a> , <a href="#">Universidad de Málaga</a> , <a href="#">IBIMA Plataforma BIONAND</a> |
| Software:            | <a href="#">Single-GENECI</a>                                                                                                            |
| Puestos:             | <a href="#">PhD candidate - FPU Fellowship</a>                                                                                           |
| Ayudas:              | <a href="#">Predoctoral grant (FPU)</a>                                                                                                  |

## Proyectos de investigación

|                               |                                                                                                                                       |
|-------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| MIEMBRO DEL EQUIPO DE TRABAJO |                                                                                                                                       |
| Título:                       | Andalucía ISI2A2: Infraestructura y Servicios de Integración e Inteligencia de Datos en el sector de la Agroalimentación en Andalucía |
| Institución:                  | <a href="#">Universidad de Málaga</a>                                                                                                 |
| Información adicional:        | DGP_PIDI_2024_01174                                                                                                                   |
| Entidades financiadoras:      | Plan Andaluz de Investigación                                                                                                         |
| Investigadores principales:   | José Francisco Aldana Montes, José Manuel García Nieto                                                                                |

|                               |                                                                                                        |
|-------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| MIEMBRO DEL EQUIPO DE TRABAJO |                                                                                                        |
| Título:                       | KOSMOS: Potenciando los Ecosistemas de Compartición de Datos Federados con un Enfoque Multidimensional |
| Fecha:                        | 2025-09-01 - Actualidad                                                                                |
| Institución:                  | <a href="#">Universidad de Málaga</a>                                                                  |
| Información adicional:        | PID2024-155363OB-C41                                                                                   |
| Entidades financiadoras:      | Plan Nacional de Proyectos de Generación de Conocimiento                                               |
| Investigadores principales:   | José Francisco Aldana Montes, José Manuel García Nieto                                                 |

|                               |                                                                                                                                        |
|-------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| MIEMBRO DEL EQUIPO DE TRABAJO |                                                                                                                                        |
| Título:                       | Aether: Una aproximación holística de smart data para el análisis de datos guiado por el contexto: explotación de semántica y contexto |
| Fecha:                        | 2021-01-01 - 2024-12-31                                                                                                                |
| Institución:                  | <a href="#">Universidad de Málaga</a>                                                                                                  |
| Información adicional:        | PID2020-112540RB-C41                                                                                                                   |
| Entidades financiadoras:      | Agencia Estatal de Investigación                                                                                                       |
| Investigadores principales:   | José Francisco Aldana Montes, Ismael Navas Delgado                                                                                     |

|                               |                                                               |
|-------------------------------|---------------------------------------------------------------|
| MIEMBRO DEL EQUIPO DE TRABAJO |                                                               |
| Título:                       | EnBiC2-Lab: Environmental and Biodiversity Climate Change Lab |
| Fecha:                        | 2019-01-01 - 2023-06-30                                       |
| Institución:                  | <a href="#">Universidad de Málaga</a>                         |
| Información adicional:        | LifeWatch-2019-11-UMA-01                                      |
| Entidades financiadoras:      | FEDER                                                         |
| Investigadores principales:   | Juan Teodomiro López Navarrete                                |

## Reconocimientos

### RECONOCIMIENTO

**Título:** Master's End-of-Program Extraordinary Award Profesor José María Troya Linero  
**Fecha:** 2023-07  
**Información adicional:** Universidad de Málaga  
**Contexto:** Premio al mejor expediente académico del Máster en Ingeniería del Software e Inteligencia Artificial.  
**Formación relacionada:** [Master's degree in Software Engineering and Artificial Intelligence](#)

### RECONOCIMIENTO

**Título:** Bachelor's End-of-Program Extraordinary Award Profesor José María Troya Linero  
**Fecha:** 2022-07  
**Información adicional:** Universidad de Málaga  
**Contexto:** Premio al mejor expediente académico del Grado en Ingeniería de la Salud, considerando ambas menciones.  
**Formación relacionada:** [Bachelor's Degree in Health Engineering with a specialization in Bioinformatics](#)

### RECONOCIMIENTO

**Título:** Destacad@s Awards 2021  
**Fecha:** 2021-11  
**Información adicional:** BBVA, Diario Sur  
**Contexto:** Reconocimiento como uno de los tres mejores expedientes académicos de la Escuela Técnica Superior de Ingeniería Informática de la promoción 2020/2021.  
**Formación relacionada:** [Bachelor's Degree in Health Engineering with a specialization in Bioinformatics](#)

### RECONOCIMIENTO

**Título:** Award for the Best High School Academic Record  
**Fecha:** 2017-06  
**Información adicional:** Málaga City Council, Education Department  
**Contexto:** IX Premios de Educación Ciudad de Málaga.

## Ayudas

### PÚBLICA

**Título:** D2 research stay grant  
**Fecha:** 2026-07  
**Información adicional:** Universidad de Málaga  
**Finalidad:** Movilidad postdoctoral  
**Periodo:** 2026-10 - 2026-11  
**Estancias relacionadas:** [Investigador postdoctoral \(estancia internacional\)](#)

### RED INTERNACIONAL

**Título:** IMMUNO-model COST Action STSM grant  
**Información adicional:** COST Action CA21135 - Modelling immunotherapy response and toxicity in cancer (IMMUNO-model)  
**Finalidad:** Movilidad postdoctoral  
**Periodo:** 2026-09 - 2026-09  
**Estancias relacionadas:** [Investigador postdoctoral \(estancia internacional\)](#)

### RED INTERNACIONAL

**Título:** ROAR-NET COST Action mobility grant  
**Fecha:** 2026-07  
**Información adicional:** COST Action CA22137 - Randomised Optimisation Algorithms Research Network (ROAR-NET)  
**Finalidad:** Movilidad postdoctoral  
**Periodo:** 2026-07 - 2026-07  
**Estancias relacionadas:** [Investigador postdoctoral \(estancia internacional\)](#)

### PÚBLICA

**Título:** FPU mobility grant  
**Información adicional:** Ministerio de Ciencia e Innovación. Universidades  
**Finalidad:** Movilidad postdoctoral  
**Periodo:** 2026-04 - 2026-06  
**Estancias relacionadas:** [Investigador postdoctoral \(estancia internacional\)](#)

PÚBLICA

**Título:** FPU mobility grant

**Fecha:** 2024-03

**Información adicional:** Ministerio de Ciencia e Innovación. Universidades

**Finalidad:** Movilidad postdoctoral

**Periodo:** 2024-06

**Estancias relacionadas:** Investigador predoctoral (estancia internacional)

PÚBLICA

**Título:** Predoctoral grant (FPU)

**Fecha:** 2022-12

**Información adicional:** Ministry of Science, Innovation and Universities

**Finalidad:** Financiación de investigación predoctoral

**Periodo:** 2022-12 - Actualidad

**Puestos relacionados:** PhD candidate - FPU Fellowship, Postdoctoral researcher - FPU-POP Fellowship

Certificaciones

CERTIFICACIÓN

**Título:** Jornadas de Formación, Mejora e Investigación Docente

**Fecha:** 2025-07

**Institución:** Universidad de Málaga

**Información adicional:** Universidad de Málaga

**Duración:** 10 horas

**Notas:** Teacher training and educational innovation course.

CERTIFICACIÓN

**Título:** IMFAHE International Mentor Program Student Certificate (2024-2025)

**Fecha:** 2025-06

**Institución:** IMFAHE

**Información adicional:** IMFAHE

CERTIFICACIÓN

**Título:** Introduction to the Use of Generative Artificial Intelligence in University Teaching

**Fecha:** 2023-10

**Institución:** Universidad de Málaga

**Información adicional:** Universidad de Málaga

**Duración:** 12 horas

**Notas:** University teaching certification.

CERTIFICACIÓN

**Título:** Boost Your Future - Professional Development Workshop

**Fecha:** 2017-09

**Institución:** ESESA

**Información adicional:** ESESA

CERTIFICACIÓN

**Título:** Cambridge English: Preliminary (PET) - Level B1

**Fecha:** 2015-07

**Institución:** University of Cambridge

**Información adicional:** University of Cambridge

Docencia

|                       |                     |                                   |
|-----------------------|---------------------|-----------------------------------|
| 180 Horas de docencia | 4 Cursos académicos | 8 Asignaturas                     |
| 4 Titulaciones        | 2 Supervisiones     | 1 Proyectos de innovación docente |

Docencia universitaria

DOCENCIA UNIVERSITARIA

**Título:** Biología de Sistemas  
**Fecha:** 2025/2026  
**Institución:** Universidad de Málaga  
**Titulación:** Grado en Ingeniería de la Salud  
**Departamento:** Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
**Horas:** 9,9

DOCENCIA UNIVERSITARIA

**Título:** Análisis y Diseño de Algoritmos  
**Fecha:** 2025/2026  
**Institución:** Universidad de Málaga  
**Titulación:** Grado en Ingeniería Informática  
**Departamento:** Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
**Horas:** 18

DOCENCIA UNIVERSITARIA

**Título:** Diseño y Explotación de Almacenes de Datos  
**Fecha:** 2024/2025  
**Institución:** Universidad de Málaga  
**Titulación:** Grado en Ingeniería Informática  
**Departamento:** Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
**Horas:** 18

DOCENCIA UNIVERSITARIA

**Título:** Análisis y Diseño de Algoritmos  
**Fecha:** 2024/2025  
**Institución:** Universidad de Málaga  
**Titulación:** Grado en Ingeniería del Software  
**Departamento:** Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
**Horas:** 6

DOCENCIA UNIVERSITARIA

**Título:** Análisis y Diseño de Algoritmos  
**Fecha:** 2024/2025  
**Institución:** Universidad de Málaga  
**Titulación:** Grado en Ingeniería Informática  
**Departamento:** Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
**Horas:** 36

DOCENCIA UNIVERSITARIA

**Título:** Estándares de Datos  
**Fecha:** 2023/2024  
**Institución:** Universidad de Málaga  
**Titulación:** Grado en Ingeniería de la Salud  
**Departamento:** Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
**Horas:** 44,9

DOCENCIA UNIVERSITARIA

**Título:** Informática  
**Fecha:** 2023/2024  
**Institución:** Universidad de Málaga  
**Titulación:** Grado en Biología  
**Departamento:** Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
**Horas:** 11,2

DOCENCIA UNIVERSITARIA

**Título:** Bases de Datos  
**Fecha:** 2022/2023  
**Institución:** Universidad de Málaga  
**Titulación:** Grado en Ingeniería de la Salud  
**Departamento:** Lenguajes y Ciencias de la Computación (LCC)  
**Horas:** 36



Supervisión académica

TUTORIZACIÓN DE PRÁCTICAS EXTERNAS

|              |                                                      |
|--------------|------------------------------------------------------|
| Título:      | Tutorización de prácticas externas extracurriculares |
| Fecha:       | 2025-10                                              |
| Institución: | <a href="#">Universidad de Málaga</a>                |
| Titulación:  | Grado en Bioquímica                                  |
| Función:     | Tutor externo de prácticas                           |
| Horas:       | 300                                                  |

DIRECCIÓN DE TRABAJO FIN DE GRADO

|              |                                                                                            |
|--------------|--------------------------------------------------------------------------------------------|
| Título:      | <a href="#">Optimización multi-objetivo para biclustering en datos de expresión génica</a> |
| Fecha:       | 2025-06                                                                                    |
| Institución: | <a href="#">Universidad de Málaga</a>                                                      |
| Titulación:  | Grado en Ingeniería de la Salud                                                            |
| Función:     | Codirector                                                                                 |
| Repositorio: | <a href="#">Repositorio</a>                                                                |

Proyectos de innovación docente

MIEMBRO DEL EQUIPO DE TRABAJO

|                       |                                                                                                                                                                                  |
|-----------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Título:               | PIE22-114: Grupos Permanentes de Innovación Educativa en el Desarrollo de Nuevas Competencias Orientadas a la Mejora de la Empleabilidad del Alumnado en el Ámbito Universitario |
| Fecha:                | 2023-01-01 - 2024-12-31                                                                                                                                                          |
| Institución:          | <a href="#">Universidad de Málaga</a>                                                                                                                                            |
| Entidad financiadora: | Universidad de Málaga                                                                                                                                                            |

Software

|    |                    |   |                     |    |                           |
|----|--------------------|---|---------------------|----|---------------------------|
| 16 | Proyectos software | 4 | Paquetes publicados | 25 | Dominios de investigación |
|----|--------------------|---|---------------------|----|---------------------------|

Proyectos software

PROYECTO SOFTWARE

|                        |                                                                                                                                                                                                                          |
|------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Título:                | <a href="#">SPATHI</a>                                                                                                                                                                                                   |
| Información adicional: | Similarity-weighted Population-Aware Transcriptional Heterogeneity Inference                                                                                                                                             |
| Descripción:           | Herramienta Python para inferir redes de regulación génica específicas de cada grupo a partir de datos de RNA-seq de célula única, ponderando las células según su proximidad transcriptómica a cada población objetivo. |
| Dominios:              | Secuenciación de ARN de célula única, Inferencia de redes de regulación génica, Heterogeneidad transcriptómica                                                                                                           |

PROYECTO SOFTWARE

|              |                                                                                                                                                                               |
|--------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Título:      | <a href="#">SALVI</a>                                                                                                                                                         |
| Descripción: | Framework orientado a componentes para biclustering quality-diversity de datos heterogéneos con pipelines reproducibles, monitorización y salidas de biclústeres explicables. |
| Dominios:    | Biclustering evolutivo, Optimización quality-diversity, Análisis de datos heterogéneos                                                                                        |

PROYECTO SOFTWARE

|                        |                                                                                                    |
|------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Título:                | <a href="#">ANDREA</a>                                                                             |
| Información adicional: | Automated Network Discovery, Reproducible Evaluation and Analysis                                  |
| Descripción:           | Plataforma para flujos de descubrimiento agregado de redes, simulación, inferencia y benchmarking. |
| Dominios:              | Descubrimiento de redes, Flujos de simulación, Benchmarking                                        |

PROYECTO SOFTWARE

|                        |                                                                                                                        |
|------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Título:                | <a href="#">AMIGA</a>                                                                                                  |
| Información adicional: | Autonomous Multi-objective Individual GRN Assessment                                                                   |
| Descripción:           | Paquete Python para selección post-Pareto basada en aprendizaje de ranking de redes de regulación génica por consenso. |
| Dominios:              | Inferencia de redes de regulación génica, Aprendizaje de ranking, Optimización multiobjetivo                           |

PROYECTO SOFTWARE

|                        |                                                                                                        |
|------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Título:                | <a href="#">GENECI</a>                                                                                 |
| Información adicional: | GEne NETwork Consensus Inference                                                                       |
| Descripción:           | Repositorio del ecosistema software GENECI para inferencia por consenso de redes de regulación génica. |
| Dominios:              | Inferencia de redes de regulación génica, Bioinformática                                               |

|                               |                                                                                                                                                                                 |
|-------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>PBEvoGen</u></a>                                                                                                                                                 |
| <b>Información adicional:</b> | Preference-Based Evolutionary Gene Network Inference                                                                                                                            |
| <b>Descripción:</b>           | Framework de optimización multiobjetivo guiada por preferencias para inferencia por consenso de redes de regulación génica.                                                     |
| <b>Dominios:</b>              | Inferencia de redes de regulación génica, Optimización basada en preferencias, Bioinformática                                                                                   |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>MOEBA-BIO</u></a>                                                                                                                                                |
| <b>Información adicional:</b> | Multi-Objective Evolutionary Biclustering Algorithm for BIOMedical applications                                                                                                 |
| <b>Descripción:</b>           | Framework Java para biclustering evolutivo en datos biomédicos con integración de conocimiento de dominio y autoconfiguración de parámetros de biclustering.                    |
| <b>Dominios:</b>              | Biclustering evolutivo, Datos biomédicos, Integración de conocimiento de dominio                                                                                                |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>Memetic-GENECI</u></a>                                                                                                                                           |
| <b>Información adicional:</b> | Memetic GENE Network Consensus Inference                                                                                                                                        |
| <b>Descripción:</b>           | Proyecto software derivado de Single-GENECI con una fase de búsqueda local guiada por interacciones conocidas.                                                                  |
| <b>Dominios:</b>              | Inferencia de redes de regulación génica, Algoritmos meméticos, Bioinformática                                                                                                  |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>BIO-INSIGHT</u></a>                                                                                                                                              |
| <b>Información adicional:</b> | Biologically Informed Optimizator - Integrating Software to Infer Grns by Holistic Thinking                                                                                     |
| <b>Descripción:</b>           | Proyecto software para inferencia de consenso biológicamente informada de redes de regulación génica mediante optimización evolutiva de muchos objetivos.                       |
| <b>Dominios:</b>              | Inferencia de redes de regulación génica, Algoritmos evolutivos, Bioinformática                                                                                                 |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>MO-GENECI</u></a>                                                                                                                                                |
| <b>Información adicional:</b> | Multi-Objective GENE Network Consensus Inference                                                                                                                                |
| <b>Descripción:</b>           | Proyecto software para inferencia multiobjetivo por consenso de redes de regulación génica usando niveles de confianza, topología y motivos biológicos recurrentes.             |
| <b>Dominios:</b>              | Inferencia de redes de regulación génica, Optimización multiobjetivo, Bioinformática                                                                                            |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>Hector</u></a>                                                                                                                                                   |
| <b>Información adicional:</b> | Software tool for workflow orchestration                                                                                                                                        |
| <b>Descripción:</b>           | Orquestador de flujos de trabajo que registra el orden topológico agrupado y controla la ejecución a partir de especificaciones de componentes y definiciones.                  |
| <b>Dominios:</b>              | Orquestación de flujos de trabajo, Software científico                                                                                                                          |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>Single-GENECI</u></a>                                                                                                                                            |
| <b>Información adicional:</b> | Single-Objective GENE Network Consensus Inference                                                                                                                               |
| <b>Descripción:</b>           | Proyecto software que implementa un algoritmo evolutivo para determinar un conjunto óptimo de técnicas de aprendizaje automático para inferencia de redes de regulación génica. |
| <b>Dominios:</b>              | Inferencia de redes de regulación génica, Aprendizaje automático evolutivo, Bioinformática                                                                                      |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>PsycoTreat</u></a>                                                                                                                                               |
| <b>Descripción:</b>           | Aplicación para flujos de registro y tratamiento de pacientes asociados a centros de salud mental, incluyendo roles, citas, diagnósticos, búsqueda de medicación y mensajería.  |
| <b>Dominios:</b>              | Software sanitario, Gestión de pacientes                                                                                                                                        |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>PrimerDesigner</u></a>                                                                                                                                           |
| <b>Descripción:</b>           | Programa para diseñar un cebador universal óptimo con máxima hibridación sobre secuencias FASTA alineadas.                                                                      |
| <b>Dominios:</b>              | Diseño de cebadores, Bioinformática                                                                                                                                             |
| PROYECTO SOFTWARE             |                                                                                                                                                                                 |
| <b>Título:</b>                | <a href="#"><u>KmerCounter</u></a>                                                                                                                                              |
| <b>Descripción:</b>           | Proyecto Java para análisis de frecuencias de k-mers en archivos FASTA y multi-FASTA.                                                                                           |
| <b>Dominios:</b>              | Análisis de k-mers, Bioinformática                                                                                                                                              |

|                   |                                                                                                                                                                                                      |
|-------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| PROYECTO SOFTWARE |                                                                                                                                                                                                      |
| Título:           | <a href="#">DNATranslatorAnalyzer</a>                                                                                                                                                                |
| Descripción:      | Analizador de secuencias de ADN para construcción inversa y reverso-complementaria, cálculo de frecuencias nucleotídicas, traducción en seis marcos y detección de fragmentos con codones de parada. |
| Dominios:         | Análisis de secuencias de ADN, Bioinformática                                                                                                                                                        |

Paquetes software

|                       |                                                                                                                                                                                                                                                               |
|-----------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| PYPI                  |                                                                                                                                                                                                                                                               |
| Título:               | <a href="#">GENECI</a>                                                                                                                                                                                                                                        |
| Nombre del paquete:   | <a href="#">geneci</a>                                                                                                                                                                                                                                        |
| Resumen:              | Software package whose main functionality consists of an evolutionary algorithm to determine the optimal ensemble of machine learning techniques for genetic network inference based on the confidence levels and topological characteristics of its results. |
| Última versión:       | 4.0.1.2                                                                                                                                                                                                                                                       |
| Versiones:            | 6                                                                                                                                                                                                                                                             |
| Licencia:             | MIT                                                                                                                                                                                                                                                           |
| Descargas totales:    | 19.430                                                                                                                                                                                                                                                        |
| Periodo de descargas: | 2022-06-01 - 2026-09-01                                                                                                                                                                                                                                       |
| Requiere Python:      | <3.11,>=3.10.7                                                                                                                                                                                                                                                |
| Panel de descargas:   | <a href="#">ClickPy</a>                                                                                                                                                                                                                                       |

|                       |                                                                                                             |
|-----------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| MAVEN                 |                                                                                                             |
| Título:               | <a href="#">MOEBA-BIO</a>                                                                                   |
| Coordenada:           | <a href="#">io.github.adrianseguraortiz:moeba-bio</a>                                                       |
| Resumen:              | MOEBA-BIO: Multi-Objective Evolutionary Biclustering Algorithm for BIOmedical applications.                 |
| Última versión:       | 1.0.0                                                                                                       |
| Versiones:            | 1                                                                                                           |
| Licencia:             | MIT License                                                                                                 |
| Última actualización: | 2026-02-05                                                                                                  |
| Versión Java:         | 11                                                                                                          |
| Dependencias:         | 14                                                                                                          |
| URL del proyecto:     | <a href="https://github.com/adrianseguraortiz/MOEBA-BIO">https://github.com/adrianseguraortiz/MOEBA-BIO</a> |
| Repositorio Maven:    | <a href="#">MvnRepository</a>                                                                               |

|                       |                                                                                  |
|-----------------------|----------------------------------------------------------------------------------|
| PYPI                  |                                                                                  |
| Título:               | <a href="#">AMIGA</a>                                                            |
| Nombre del paquete:   | <a href="#">amiga-grn</a>                                                        |
| Resumen:              | Learning-to-rank for post-Pareto selection of consensus gene regulatory networks |
| Última versión:       | 0.1.0                                                                            |
| Versiones:            | 1                                                                                |
| Licencia:             | MIT                                                                              |
| Descargas totales:    | 774                                                                              |
| Periodo de descargas: | 2026-06-01 - 2026-09-01                                                          |
| Requiere Python:      | <3.14,>=3.11                                                                     |
| Panel de descargas:   | <a href="#">ClickPy</a>                                                          |

|                       |                                                                                               |
|-----------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------|
| PYPI                  |                                                                                               |
| Título:               | <a href="#">ANDREA</a>                                                                        |
| Nombre del paquete:   | <a href="#">ANDREA</a>                                                                        |
| Resumen:              | Platform for aggregated network discovery, simulation, inference, and benchmarking workflows. |
| Última versión:       | 0.1.0                                                                                         |
| Versiones:            | 1                                                                                             |
| Descargas totales:    | 896                                                                                           |
| Periodo de descargas: | 2026-06-01 - 2026-09-01                                                                       |
| Requiere Python:      | <3.14,>=3.11                                                                                  |
| Panel de descargas:   | <a href="#">ClickPy</a>                                                                       |

|                                                                |                                       |                          |
|----------------------------------------------------------------|---------------------------------------|--------------------------|
| Divulgación                                                    |                                       |                          |
| 49 Acciones de divulgación                                     | 2 Artículos de divulgación científica | 2 Presentaciones         |
| 27 Noticias de prensa                                          | 17 Acciones en redes sociales         | 1 Acciones en televisión |
| 68.300 Visualizaciones registradas en redes                    |                                       |                          |
| Acción en redes sociales más destacada: 38.700 visualizaciones |                                       |                          |

Artículos de divulgación científica

ARTÍCULO

**Título:** [MOEBA-BIO: An Open and Extensible Framework for Evolutionary Biclustering in Biomedicine](#)  
**Fecha:** 2026-04-13  
**Información adicional:** ERCIM News · Número 144  
**Publicaciones:** [Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data](#)  
**Paquetes software:** [MOEBA-BIO](#)

ARTÍCULO

**Título:** [Context-Guided Evolutionary Algorithms for Consensus Inference of Gene Regulatory Networks](#)  
**Fecha:** 2026-01-30  
**Información adicional:** ERCIM News · Número 143  
**Publicaciones:** [GENECI: A novel evolutionary machine learning consensus-based approach for the inference of gene regulatory networks](#), [Exploiting medical-expert knowledge via a novel memetic algorithm for the inference of gene regulatory networks](#), [Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks](#), [Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks](#), [Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach](#)  
**Paquetes software:** [GENECI](#)

Presentaciones

REGIONAL CONGRESS PRESENTATION

**Título:** Optimización del Consenso de Múltiples Técnicas de Inferencia de Redes de Regulación Génica Desde una Perspectiva Holística Guiada por el Contexto Biológico de los Datos  
**Fecha:** 2025-05-12 - 2025-05-14  
**Información adicional:** Jornadas Andaluzas de Bioinformática (JABI 2025) · Málaga, Spain  
**Publicaciones:** [GENECI: A novel evolutionary machine learning consensus-based approach for the inference of gene regulatory networks](#), [Exploiting medical-expert knowledge via a novel memetic algorithm for the inference of gene regulatory networks](#), [Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks](#), [Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks](#)  
**Paquetes software:** [GENECI](#)

CONFERENCE PRESENTATION

**Título:** Exploiting medical-expert knowledge via a novel memetic algorithm for the inference of gene regulatory networks  
**Fecha:** 2024-07-02 - 2024-07-04  
**Información adicional:** International Conference on Computational Science (ICCS 2024) · Málaga, Andalucía, Spain  
**Publicaciones:** [Exploiting medical-expert knowledge via a novel memetic algorithm for the inference of gene regulatory networks](#)  
**Paquetes software:** [GENECI](#)

Prensa

IDESCUBRE

**Título:** [Un mapa para leer los virus del intestino](#)  
**Fecha:** 2026-07-29  
**Publicaciones:** [Deciphering the Influence of Gut Microbiome Disruption on Human Health Through Multi-Algorithm Approaches](#)

LA OPINIÓN DE MÁLAGA

**Título:** [Una inteligencia artificial desarrollada en Málaga analiza los virus del intestino y detecta posibles desequilibrios](#)  
**Fecha:** 2026-07-29  
**Publicaciones:** [Deciphering the Influence of Gut Microbiome Disruption on Human Health Through Multi-Algorithm Approaches](#)

20 MINUTOS

**Título:** [Desarrollan un "mapa inteligente" para identificar virus asociados a la salud digestiva](#)  
**Fecha:** 2026-07-29  
**Publicaciones:** [Deciphering the Influence of Gut Microbiome Disruption on Human Health Through Multi-Algorithm Approaches](#)

FUNDACIÓN DESCUBRE

**Título:** [Desarrollan un 'mapa inteligente' para identificar virus asociados a la salud digestiva](#)  
**Fecha:** 2026-07-29  
**Publicaciones:** [Deciphering the Influence of Gut Microbiome Disruption on Human Health Through Multi-Algorithm Approaches](#)

|                       |                                                                                                                                                    |
|-----------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| NOVA CIENCIA          |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">Crean el mapa de los virus del estómago que ayuda a detectar desequilibrios en la salud digestiva</a>                                  |
| Fecha:                | 2026-07-29                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Deciphering the Influence of Gut Microbiome Disruption on Human Health Through Multi-Algorithm Approaches</a>                          |
| LA NOCIÓN             |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">PBEvoGen, una nueva metodología que permite al investigador orientar el proceso computacional y reducir el tiempo de cálculo</a>       |
| Fecha:                | 2026-05-26                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach</a>                         |
| NOVA CIENCIA          |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">La metodología que reduce el tiempo de cálculo en las investigaciones científicas</a>                                                  |
| Fecha:                | 2026-05-26                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach</a>                         |
| EUROPA PRESS          |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">'PBEvoGen', una nueva metodología que permite al investigador orientar el proceso computacional y reducir el tiempo de cálculo</a>     |
| Fecha:                | 2026-05-26                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach</a>                         |
| UMA DIVULGA           |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">Cómo combinar inteligencia artificial y conocimiento experto para inferir redes genéticas</a>                                          |
| Fecha:                | 2026-05-26                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach</a>                         |
| UNIVERSIDAD DE MÁLAGA |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">'PBEvoGen', una nueva metodología que permite al investigador orientar el proceso computacional y reducir el tiempo de cálculo</a>     |
| Fecha:                | 2026-05-26                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach</a>                         |
| IBIMA                 |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">Cómo combinar inteligencia artificial y conocimiento experto para inferir redes genéticas</a>                                          |
| Fecha:                | 2026-05-26                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach</a>                         |
| NOVA CIENCIA          |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">Así funciona el sistema inteligente que analiza los genes implicados en la fatiga crónica</a>                                          |
| Fecha:                | 2025-07-27                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| SALUD A DIARIO        |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">Un nuevo sistema 'inteligente' analiza los genes implicados en la fatiga crónica</a>                                                   |
| Fecha:                | 2025-07-27                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| IDESCUBRE             |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">Inteligencia artificial para dar 'voz genética' a la fibromialgia y a la fatiga crónica</a>                                            |
| Fecha:                | 2025-07-25                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| EUROPA PRESS          |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">Desarrollan un sistema "inteligente" que analiza los genes implicados en enfermedades como la fatiga crónica</a>                       |
| Fecha:                | 2025-07-25                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| EUROPA PRESS          |                                                                                                                                                    |
| Título:               | <a href="#">La Universidad de Málaga desarrolla un software de código abierto para descubrir estructuras ocultas en datos biomédicos</a>           |
| Fecha:                | 2025-07-09                                                                                                                                         |
| Publicaciones:        | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                          |

|                       |                                                                                                                                                                                      |
|-----------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| NOVA CIENCIA          |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Una herramienta revolucionaria para descubrir estructuras ocultas en datos médicos</a>                                                                                   |
| Fecha:                | 2025-07-09                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                                                            |
| CADENA SER            |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">‘MOEBA-BIO’, una nueva herramienta desarrollada en la UMA para descubrir estructuras ocultas en datos biomédicos</a>                                                     |
| Fecha:                | 2025-07-09                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                                                            |
| UNIVERSIDAD DE MÁLAGA |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">‘MOEBA-BIO’, una herramienta para descubrir estructuras ocultas en datos biomédicos</a>                                                                                  |
| Fecha:                | 2025-07-09                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                                                            |
| UMA DIVULGA           |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Un investigador de la UMA desarrolla una herramienta para descubrir estructuras ocultas en datos biomédicos</a>                                                          |
| Fecha:                | 2025-07-09                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                                                            |
| EUROPA PRESS          |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Desarrollan un algoritmo útil para la comprensión de los procesos celulares implicados en distintas enfermedades</a>                                                     |
| Fecha:                | 2024-08-29                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>                                              |
| LA OPINIÓN DE MÁLAGA  |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Investigadores de Málaga crean un algoritmo para entender los procesos celulares implicados en distintas enfermedades</a>                                                |
| Fecha:                | 2024-08-29                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>                                              |
| SALUD A DIARIO        |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Nuevo algoritmo útil para la comprensión de los procesos celulares</a>                                                                                                   |
| Fecha:                | 2024-08-29                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>                                              |
| IBIMA                 |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Investigadores de IBIMA Plataforma BIONAND y la UMA desarrollan un algoritmo útil para la comprensión de los procesos celulares implicados en distintas enfermedades</a> |
| Fecha:                | 2024-08-29                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>                                              |
| CONSALUD              |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Investigadores del IBIMA emplean una nueva estrategia para comprender cómo interactúan los genes</a>                                                                     |
| Fecha:                | 2023-08-21                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">GENECI: A novel evolutionary machine learning consensus-based approach for the inference of gene regulatory networks</a>                                                 |
| EUROPA PRESS          |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Investigadores del IBIMA Plataforma Bionand avanzan en la comprensión de la enfermedad a nivel molecular</a>                                                             |
| Fecha:                | 2023-08-19                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">GENECI: A novel evolutionary machine learning consensus-based approach for the inference of gene regulatory networks</a>                                                 |
| DIARIO SUR            |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">Investigadores del IBIMA Plataforma Bionand avanzan en la comprensión de la enfermedad a nivel molecular</a>                                                             |
| Fecha:                | 2023-08-19                                                                                                                                                                           |
| Publicaciones:        | <a href="#">GENECI: A novel evolutionary machine learning consensus-based approach for the inference of gene regulatory networks</a>                                                 |
| Redes sociales        |                                                                                                                                                                                      |
| LINKEDIN              |                                                                                                                                                                                      |
| Título:               | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                                                             |
| Fecha:                | 2025-12-19                                                                                                                                                                           |
| Cuentas:              | adrian-segura-ortiz                                                                                                                                                                  |
| Descripción:          | Publicación en LinkedIn anunciando el artículo de PBEvoGen en Computational Biology and Chemistry.                                                                                   |
| Publicaciones:        | <a href="#">Multi-Objective Consensus Optimization for Gene Regulatory Networks Inference: A Preference-Based Approach</a>                                                           |

|                  |                                                                                                                                                    |
|------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| LINKEDIN         |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                           |
| Fecha:           | 2025-07-15                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | adrian-segura-ortiz                                                                                                                                |
| Descripción:     | Publicación en LinkedIn anunciando el artículo de BIO-INSIGHT en Computers in Biology and Medicine.                                                |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| LINKEDIN         |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                           |
| Fecha:           | 2025-07-25                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | Consejería Universidad, Investigación e Innovación                                                                                                 |
| Descripción:     | Publicación en LinkedIn sobre BIO-INSIGHT como sistema basado en IA para analizar interacciones génicas en enfermedades complejas.                 |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| LINKEDIN         |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                           |
| Fecha:           | 2025-07-25                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | Fundación Descubre                                                                                                                                 |
| Descripción:     | Publicación en LinkedIn de Fundación Descubre sobre BIO-INSIGHT y análisis génico en enfermedades relacionadas con la fatiga crónica.              |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| X                |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">X</a>                                                                                                                                  |
| Fecha:           | 2025-07-26                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | sombradoble                                                                                                                                        |
| Descripción:     | Publicación en X de Sombradoble sobre BIO-INSIGHT y análisis génico basado en IA en fibromialgia y EM/SFC.                                         |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| INSTAGRAM        |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">Instagram</a>                                                                                                                          |
| Fecha:           | 2026-03-19                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | adriansegura.99                                                                                                                                    |
| Visualizaciones: | 1.500                                                                                                                                              |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| INSTAGRAM        |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">Instagram</a>                                                                                                                          |
| Fecha:           | 2026-03-25                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | salud_ahora_, _ibima, adriansegura.99                                                                                                              |
| Visualizaciones: | 9.200                                                                                                                                              |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| INSTAGRAM        |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">Instagram</a>                                                                                                                          |
| Fecha:           | 2025-07-25                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | universidadand, fundaciondescubre, adriansegura.99                                                                                                 |
| Visualizaciones: | 13.400                                                                                                                                             |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |
| LINKEDIN         |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                           |
| Fecha:           | 2025-06-03                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | adrian-segura-ortiz                                                                                                                                |
| Descripción:     | Publicación en LinkedIn anunciando el artículo de MOEBA-BIO y su colaboración con la Universidad de Lille.                                         |
| Publicaciones:   | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                          |

|                  |                                                                                                                                                    |
|------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| LINKEDIN         |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                           |
| Fecha:           | 2025-07-10                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | ITIS UMA                                                                                                                                           |
| Descripción:     | Publicación en LinkedIn de ITIS UMA compartiendo la noticia sobre MOEBA-BIO como software abierto para análisis de datos biomédicos.               |
| Publicaciones:   | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                          |
| X                |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">X</a>                                                                                                                                  |
| Fecha:           | 2025-07-10                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | itis_uma                                                                                                                                           |
| Descripción:     | Publicación en X de ITIS UMA compartiendo la noticia de la UMA sobre MOEBA-BIO.                                                                    |
| Publicaciones:   | <a href="#">Exhaustive biclustering driven by self-learning evolutionary approach for biomedical data</a>                                          |
| LINKEDIN         |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                           |
| Fecha:           | 2024-07-15                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | adrian-segura-ortiz                                                                                                                                |
| Descripción:     | Publicación en LinkedIn anunciando el artículo de MO-GENECI en Computers in Biology and Medicine.                                                  |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>            |
| X                |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">X</a>                                                                                                                                  |
| Fecha:           | 2024-09-03                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | itis_uma                                                                                                                                           |
| Descripción:     | Publicación en X de ITIS UMA compartiendo un vídeo sobre el algoritmo MO-GENECI.                                                                   |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>            |
| INSTAGRAM        |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">Instagram</a>                                                                                                                          |
| Fecha:           | 2024-09-02                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | _ibima, adriansegura.99                                                                                                                            |
| Visualizaciones: | 5.500                                                                                                                                              |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>            |
| INSTAGRAM        |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">Instagram</a>                                                                                                                          |
| Fecha:           | 2024-09-02                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | nath.biohack, adriansegura.99                                                                                                                      |
| Visualizaciones: | 38.700                                                                                                                                             |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multi-objective context-guided consensus of a massive array of techniques for the inference of Gene Regulatory Networks</a>            |
| LINKEDIN         |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                           |
| Fecha:           | 2024-07-03                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | adrian-segura-ortiz                                                                                                                                |
| Descripción:     | Publicación en LinkedIn anunciando el artículo de ICCS 2024 sobre un algoritmo memético para inferencia de redes de regulación génica.             |
| Publicaciones:   | <a href="#">Exploiting medical-expert knowledge via a novel memetic algorithm for the inference of gene regulatory networks</a>                    |
| LINKEDIN         |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">LinkedIn</a>                                                                                                                           |
| Fecha:           | 2023-02-15                                                                                                                                         |
| Cuentas:         | adrian-segura-ortiz                                                                                                                                |
| Descripción:     | Publicación en LinkedIn anunciando el artículo de GENECI en Computers in Biology and Medicine.                                                     |
| Publicaciones:   | <a href="#">GENECI: A novel evolutionary machine learning consensus-based approach for the inference of gene regulatory networks</a>               |
| Televisión       |                                                                                                                                                    |
| CANAL MÁLAGA     |                                                                                                                                                    |
| Título:          | <a href="#">Salud Ahora</a>                                                                                                                        |
| Fecha:           | 2026-03-18                                                                                                                                         |
| Publicaciones:   | <a href="#">Multifaceted evolution focused on maximal exploitation of domain knowledge for the consensus inference of Gene Regulatory Networks</a> |



Revisión científica

15 Manuscritos revisados8 Revistas

|                        |                                                    |
|------------------------|----------------------------------------------------|
| BMC                    |                                                    |
| Título:                | BMC Bioinformatics                                 |
| Fecha:                 | 2026-09-04                                         |
| Manuscritos revisados: | 3 manuscritos                                      |
| SPRINGER NATURE        |                                                    |
| Título:                | Scientific Reports                                 |
| Fecha:                 | 2026-08-04                                         |
| Manuscritos revisados: | 4 manuscritos                                      |
| SPRINGER NATURE        |                                                    |
| Título:                | Archives of Computational Methods in Engineering   |
| Fecha:                 | 2026-07-17                                         |
| Manuscritos revisados: | 2 manuscritos                                      |
| ELSEVIER               |                                                    |
| Título:                | Computational Biology and Chemistry                |
| Fecha:                 | 2026-06-05                                         |
| Manuscritos revisados: | 1 manuscrito                                       |
| BMC                    |                                                    |
| Título:                | BioData Mining                                     |
| Fecha:                 | 2026-05-03                                         |
| Manuscritos revisados: | 1 manuscrito                                       |
| ELSEVIER               |                                                    |
| Título:                | Knowledge-Based Systems                            |
| Fecha:                 | 2026-02-23                                         |
| Manuscritos revisados: | 1 manuscrito                                       |
| ELSEVIER               |                                                    |
| Título:                | Computational and Structural Biotechnology Journal |
| Fecha:                 | 2026-01-13                                         |
| Manuscritos revisados: | 2 manuscritos                                      |
| BMC                    |                                                    |
| Título:                | European Journal of Medical Research               |
| Fecha:                 | 2025-12-15                                         |
| Manuscritos revisados: | 1 manuscrito                                       |