

Curriculum Vitae **Pablo Vinuesa Fleischmann**

Contacto:

Programa de Ingeniería Genómica
Centro de Ciencias Genómicas (CCG)
Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)
Av. Universidad s/n, col. Chamilpa, AP 565-A
Cuernavaca, Mor, CP 62210
México

Tel. + (52) 777 3175867

E-Mail: vinuesa@cgc.unam.mx

web: <http://www.cgc.unam.mx/~vinuesa/>

Posición actual: Investigador Titular B, TC, definitivo; SNI-II; Pride D;

Tutor acreditado en: Programas de Doctorado en Ciencias Biomédicas-UNAM, Ciencias Bioquímicas-UNAM y Ciencias Biológicas-UNAM. Licenciatura de Ciencias Genómicas-UNAM;

R.F.C.- VIFP670308-SS2

CURP : VIFP670308HNENLB05

Versión: 28 de Mayo de 2018.

FORMACION Y POSICION ACADEMICA

Marzo 2016 – presente	Investigador Titular B de T.C., Programa de Ingeniería Genómica del CCG-UNAM. Definitivo
Abril 2013 – Febrero 2016	Investigador Titular A, Programa de Ingeniería Genómica del CCG- UNAM. Definitivo
2010 – 2013	Investigador Titular A, Programa de Ingeniería Genómica del CCG-UNAM. Interino
2006 – presente	Investigador Titular A, Programa de Ingeniería Genómica del CCG-UNAM.
2005 - 2006	Investigador Titular A, Programa de Ecología Genómica del CCG-UNAM.
2001 – 2004	Investigador Asociado C Programa de Ecología Molecular y Microbiana del CCG-UNAM.
1999 - 2001	Trabajos posdoctorales en: Department of Cellular Biology and Applied Botany, Faculty of de Biology, Philipps University of Marburg, Alemania (1998-2000). Institute of Molecular Plant Sciences, Leiden University, Holanda

	(2000-2001). Max-Planck Institute for Terrestrial Microbiology, Marburg, Alemania (2001).
1994 - 1998	Tesis de doctorado en el Department of Cellular Biology and Applied Botany, Faculty of de Biology, Philipps University of Marburg. Título de la disertación: “Genetic and phenotypic analysis of <i>Rhizobium etli</i> and <i>R. tropici</i> mutants defective in lipopolysaccharide synthesis and acid tolerance, and applications of genomic typing methods” (Con mención honorífica: <i>summa cum laude</i>).
1986 - 1993	Estudio de la licenciatura en Biología en la Universidad de La Laguna, Tenerife, Islas Canarias, España.

TRABAJO INSTITUCIONAL

Enero de 2017 a Agosto de 2017 – Miembro del Consejo de Asuntos Académicos Administrativos (CAAA) del Consejo Técnico de la Investigación Científica, (CTIC-UNAM)

Septiembre de 2016 – presente. Representante electo de los Investigadores del CCG ante el Consejo Técnico de la Investigación Científica (CTIC-UNAM)

Septiembre de 2016 – Miembro del Consejo Interno del Centro de Ciencias Genómicas.

Agosto 2012 – Septiembre 2016. Miembro de la Comisión Evaluadora del PAPIME-PRIDE-UNAM del Instituto de Ecología-UNAM

Julio 2009 – Agosto 2013. Responsable de Entidad del Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas del CCG

Julio 2009 – Agosto 2013. Miembro del Consejo Interno del Centro de Ciencias Genómicas.

PUBLICACIONES (revistas internacionales con arbitraje e indexadas)

Nota: los nos. de citas excluyen a todas las autocitas de Vinuesa y coautores según ISI Web of Science, en Abril de 2018)

Resúmen de citas e índices de impacto:

Citas (sin autocitas) a la fecha de todas sus publicaciones, sin autocitas: 1777 (ISI Web of Science)

No. de artículos citando, excluyendo autocitas: 1414

Citas (sin autocitas) a la fecha a sus trabajos realizados en el CIFN-CCG: 1169

Citas recibidas en el año 2017 de todos sus trabajos publicados: 241

Índice H Scopus: 23; <https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=55995912700>

Índice H: 27(Google Scholar); **i10-index:** 39 (Google Scholar); total citas 3018 (Google Scholar)

ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-6119-2956>

<http://loop.frontiersin.org/people/225282/impact>

Artículos en revistas indizadas de circulación internacional.

2018

54. Luisa Sandner Miranda, **Pablo Vinuesa**, Alejandro Cravioto and Rosario Morales-Espinosa* (2018). The Genomic Basis of Intrinsic and Acquired Antibiotic Resistance in the Genus *Serratia*. *Frontiers in Microbiology* 9:828.

53. **Pablo Vinuesa***, Luz Edith Ochoa-Sanchez and Bruno Contreras-Moreira (2018). GET_PHYLOMARKERS, a software package to select optimal orthologous clusters for phylogenomics and inferring pan-genome phylogenies, used for a critical geno-taxonomic revision of the genus *Stenotrophomonas*. *Front. Microbiol.* 9:771 | doi: 10.3389/fmicb.2018.00771 Research Topic: Microbial Taxonomy, Phylogeny and Biodiversity <http://journal.frontiersin.org/researchtopic/5493/microbial-taxonomy-phylogeny-and-biodiversity>

Código fuente públicamente disponible en el repositorio GitHub:
https://github.com/vinuesa/get_phylomarkers

2017

52. Luz Edith Ochoa-Sanchez and **Pablo Vinuesa*** (2017). Evolutionary genetic analysis uncovers multiple species with distinct habitat preferences and antibiotic resistance phenotypes in the *Stenotrophomonas maltophilia* complex. *Front. Microbiol.* 8: 1548. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01548> | [PubMed PMID: 28861062](#) | [latest manuscript version on bioRxiv](#).

51. Santamaría RI, Bustos P, Pérez-Carrascal OM, Miranda-Sánchez F, **Vinuesa P**, Martínez-Flores I, Juárez S, Lozano L, Martínez-Romero E, Cevallos MÁ, Romero D, Dávila G, Ormeño-Orrillo E, González V (2017). Complete Genome Sequences of Eight Rhizobium Symbionts Associated with Common Bean (*Phaseolus vulgaris*). *Genome Announc.* 5(30). pii: e00645-17. doi: 10.1128/genomeA.00645-17. [PubMed PMID: 28751391](#).

50. Williams Arony Martínez-Flores, Manuel Palma-García, Heriberto Caballero-Ortega, Alejandra Del Viento-Camacho, Eduardo López-Escamilla, Fernando Martínez-Hernández, **Pablo Vinuesa**, Dolores Correa and Pablo Maravilla. (2017). Genotyping *Toxoplasma gondii* with the B1 gene in naturally infected sheep from an endemic region in the Pacific coast of Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases. Vector Borne Zoonotic Dis.* 17(7):495-502. [Online Article, doi: 10.1089/vbz.2016.2085](#) | [PMID: 28530509](#).

49. Bruno Contreras-Moreira, Carlos Pérez Cantalapiedra, María Jesús García Pereira, Sean Gordon, John P Vogel, Ernesto Igartua, Ana M Casas and **Pablo Vinuesa** (2017). Analysis of plant pan-genomes and transcriptomes with GET_HOMOLOGUES-EST, a clustering solution for sequences of the same species. *Front. in Plant Sci.* 8:184. [Online Article, doi: 10.3389/fpls.2017.00184](#).

48. Patricia Bustos, Rosa Santamaría, Olga Pérez-Carrascal, Jose Luis Acosta, Luis Lozano, Soledad Juárez, Irma Martínez-Flores, Esperanza Martínez-Romero, Miguel Cevallos, David Romero, Guillermo Davila, **Pablo Vinuesa**, Fabiola Miranda, Ernesto Ormeño, and Víctor González (2017). Complete genome sequences of three *Rhizobium gallicum* symbionts associated to common bean (*Phaseolus vulgaris*). *Genome Announcements. Announc.* 2017 Mar 16;5(11). pii: e00030-17. doi: 10.1128/genomeA.00030-17. [PMID 28302777](#) | [PDF](#).

47. Ciro Cubillas, Fabiola Miranda-Sánchez, Antonio González, José Pedro Elizalde, **Pablo Vinuesa**, Susana Brom and Alejandro García-De Los Santos. (2017). A comprehensive phylogenetic analysis of copper transporting PIB ATPases from bacteria of the *Rhizobiales* order uncovers multiplicity, diversity and novel taxonomic subtypes. *MicrobiologyOpen MicrobiologyOpen.* 2017;6:e452.

<https://doi.org/10.1002/mbo3.452>. [PMID:28217917](#)[PDF](#).

2016

46. Fabiola Miranda-Sánchez, Javier Rivera and **Pablo Vinuesa*** 2016. Diversity patterns of *Rhizobiaceae* communities inhabiting soils, root-surfaces and nodules reveal a strong selection of rhizobial partners by legumes. *Environ. Microbiol.* 18(8): 2375-2391. doi: 10.1111/1462-2920.13061. Epub 2015 Dec 2. [PMID:26395550](#)[PDF](#)

45. Olga M. Pérez Carrascal, David VanInsberghe, Soledad Juárez, Martin F. Polz, **Pablo Vinuesa** and Víctor González (2016). Population Genomics of the Symbiotic Plasmids of Sympatric Nitrogen-Fixing Rhizobium Species Associated with *Phaseolus vulgaris*. *Environmental Microbiology*. 18(8): 2660-2676. doi: 10.1111/1462-2920.13415. Epub 2016 Jul 12. [PMID:27312778](#)[PDF](#)

44. **Pablo Vinuesa***, Jose Puente, Edmundo Calva, Mussaret Zaidi, and Claudia Silva*. 2016. Complete genome sequence of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium strain SO3 (sequence type 302) isolated from a baby with meningitis in Mexico. 4(2):e00285-16. doi:10.1128/genomeA.00285-16. [PDF](#)

43 Claudia Silva*, Edmundo Calva, Jose Puente, Mussaret Zaidi, and **Pablo Vinuesa***. 2016. Complete genome sequence of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium strain SO2 (sequence type 302) isolated from an asymptomatic child in Mexico. *Genome Announcements*. Apr 14;4(2). pii: e00253-16. doi: 10.1128/genomeA.00253-16. [PubMed PMID:27081133](#)[PDF](#)

42. Claudia Silva*, Edmundo Calva, Jose Puente, Mussaret Zaidi, and **Pablo Vinuesa***. 2016. Complete genome sequence of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium strain YU15 (sequence type 19) harboring the *Salmonella* genomic island 1 (SGI1) and the virulence plasmid (pSTV). Apr 14;4(2). pii: e00252-16. doi: 10.1128/genomeA.00252-16. *Genome Announcements*. [PubMed PMID:27081132](#)[PDF](#)

41. Sara Centeno-Leija, **Pablo Vinuesa**, Karol Rodríguez-Peña, Miriam Trenado-Urbe, Yair Cárdenas-Conejo, Hugo Serrano-Posada, Romina Rodríguez-Sanoja, and Sergio Sanchez. 2016. Draft Genome Sequence of an Endophytic Actinoplanes Species, Encoding Uncommon trans-AT Polyketide Synthases. *Genome Announcements*. Mar 24;4(2). pii: e00164-16. doi: 10.1128/genomeA.00164-16. [PubMed PMID:27013046](#)[PDF](#)

40. Luisa Sandner-Miranda#, **Pablo Vinuesa#**, Gloria Soberón and Rosario Morales-Espinosa (2015). Complete genome sequence of *Serratia marcescens* SmUNAM836, a non-pigmented multidrug resistant strain isolated from a Mexican patient with obstructive pulmonary disease. *Genome Announcements*. Accepted on Oct. 17th, 2015. Note: LSM and PV contributed equally to this work. [Assembly GCA_001294565.1](#), [BioSample: SAMN03733572](#), [BioProject acc. PRJNA284857](#). #Both authors contributed equally to this work. *January/February 2016 4:e01417-15*; doi:10.1128/genomeA.01417-15. Online ISSN: 2169-8287. (Todavía no tiene índice de impacto, ya que va por el volumen no. 3). No.

2015

39. **Pablo Vinuesa*** and Luz E. Ochoa-Sánchez (2015). Complete Genome Sequencing of *Stenotrophomonas acidaminiphila* ZAC14D2_NAIMI4_2, a Multidrug-Resistant Strain Isolated from Sediments of a Polluted River in Mexico, Uncovers New Antibiotic Resistance Genes and a Novel Class-II Lasso Peptide Biosynthesis Gene Cluster. *Genome Announcements*. Accepted on Oct. 17th, 2015. [GenBank acc. no. CP012900.1](#), [Assembly GCA_001314305.1](#), [BioSample acc. SAMN04099006](#), [BioProject acc. PRJNA296415](#). November/December 2015; 3(6) (se publica el 10 de Diciembre de 2015). Online ISSN: 2169-8287. (Todavía no tiene índice de impacto, ya que va por el volumen no. 3).

38. Claudia Silva*, Edmundo Calva, Juan J. Calva, Magdalena Wiesnera, Marcos Fernández-Mora, José L.

- Puente and **Pablo Vinuesa*** (2015). Complete genome sequence of a human-invasive *Salmonella* Typhimurium strain of the emerging sequence type 213 harboring a multidrug resistance IncA/C plasmid and a *bla*CMY-2-carrying IncF plasmid. *Genome Announcements*. [November/December 2015 vol. 3 no. 6 e01323-15](#) PubMed PMID:26564044. Online ISSN: 2169-8287. (Todavía no tiene índice de impacto, ya que va por el volumen no. 3).
37. Edmundo Calva, Claudia Silva*, Mussaret B. Zaidi, Alejandro Sánchez-Flores, Karel Estrada, Genivaldo G. Z. Silva, Luz M. Soto-Jiménez, Magdalena Wiesner, Marcos Fernández-Moraa, Robert A. Edwards and **Pablo Vinuesa*** (2015). Complete genome sequencing of a multidrug-resistant and human-invasive *Salmonella enterica* serovar Typhimurium strain of the emerging ST213 genotype. *Genome Announcements* **2015 Jun 18;3(3)**. pii: e00663-15. doi: 10.1128/genomeA.00663-15. PubMed PMID:26089426. Online ISSN: 2169-8287. (Todavía no tiene índice de impacto, ya que va por el volumen no. 3).
36. Cristina Riquelme, Sandra P. Camara, Maria de Lurdes Nunes Enes Dapkevicius, **Pablo Vinuesa**, Célia Costa G Silva, Xavier Malcata, Oldemiro A Rego. 2015. Characterization of the bacterial biodiversity in Pico Cheese (an artisanal Azorean food). *Int. J. Food Microbiol.* **192:86-94**. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2014.09.031. [ScienceDirect](#). ISSN: 0168-1605. [Impact Factor of 3.082];
- ## 2014
35. Ciro Cubillas, Pablo Vinuesa, Maria Luisa Tabche, Araceli Davalos, Vázquez A., Ismael Hernandez-Lucas, David Romero and Alejandro García-de los Santos. 2014. The cation diffusion facilitator protein EmfA of *Rhizobium etli* belongs to a novel subfamily of Mn²⁺/Fe²⁺ transporters conserved in alpha-proteobacteria. *Metallomics*. **6(10):1808-1815**. doi: 10.1039/c4mt00135d. [PubMed PMID: 25054342](#). ISSN: 1756-5901. [Impact Factor of 3.585];
34. Chang FM, Coyne HJ, Ramirez CA, Vinuesa P, Fang X, Ma Z, Ma D, Helmann JD, García-de Los Santos A, Wang YX, Dann CE 3rd, Giedroc DP (2014). Cu(I)-mediated allosteric switching in a copper-sensing operon repressor (CsoR). *J. Biol. Chem.* **2014, Jul 4;289(27):19204-17**. doi: 10.1074/jbc.M114.556704. [PubMed PMID: 24831014](#) ISSN: 0021-9258. [Impact Factor of 4.573];
- ## 2013
33. Bruno Contreras-Moreira* and **Pablo Vinuesa*** (2013). GET_HOMOLOGUES, a versatile software package for scalable and robust microbial pan-genome analysis. *Appl. Env. Microbiol.* **79(24):7696-7701**. [PubMed PMID: 24096415](#) | [PDF](#) | [GET_HOMOLOGUES source code download](#). Print ISSN: 0099-2240. Online ISSN: 1098-5336. [Impact Factor of 3.668];
32. Ciro Cubillas, **Pablo Vinuesa**, María Luisa Tabche and Alejandro García-de los Santos (2013). Phylogenomic analysis of Cation Diffusion Facilitator proteins uncovers Ni²⁺/Co²⁺ transporters. *Metallomics* **5(12):1634-1643**. [PubMed PMID: 24077251](#). ISSN: 1756-5901. [Impact Factor of 3.585];
31. Paulina Estrada de los Santos, **Pablo Vinuesa**, Lourdes Martínez Aguilar, Ann Hirsch, Jesús Caballero Mellado (2013). Phylogenetic Analysis of Burkholderia species by Multilocus Sequence Analysis. *Current Microbiology* **67(1):51-60**. [PubMed PMID: 23404651](#). ISSN: 0343-8651. [Impact Factor of 1.423];
- ## 2012
30. Marina Escalera-Zamudio, Georgina Cobián-Güemes, María de los Dolores Soto-del Río, Pavel Isa, Iván Sánchez-Betancourt, Aurora Parissi-Crivelli, María Teresa Martínez-Cázares, Pedro Romero, Lauro Velázquez-Salinas, Belem Huerta-Lozano, Martha Nelson, Hilda Montero, **Pablo Vinuesa**, Susana López, and Carlos F. Arias (2012). Characterization of an Influenza A Virus in Mexican Swine that is Related to the A/HN/009 Pandemic Clade. *Virology* **433(1): 176-182**. [PubMed PMID: 22921315](#). ISSN: 0042-6822. [Impact Factor of 3.321];

29. Antonia I. Castillo-Rodal, Marisa Mazari-Hiriart, Lourdes Lloret-Sánchez, Bernardo Sachman-Ruiz, **Pablo Vinuesa** and Yolanda López-Vidal (2012). Potentially Pathogenic Nontuberculous Mycobacteria found in Aquatic Systems. Analysis from a reclaimed water and water distribution system in Mexico City. **European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases** **31(5):683-689**. PubMed PMID: 21805195 ISSN: 0934-9723. [Impact Factor of 2.668];

2011

28. Acosta 1, Luis E. Eguiarte 2, **Pablo Vinuesa** 1, Patricia Bustos 1, Rosa I. Santamaría 1, Esperanza Martínez-Romero 1, Guillermo Dávila 1, and Víctor González 1 (2011). Impact of homologous recombination on genetic diversity in *Rhizobium etli* Genomes. José L. **BMC Evolutionary Biology** **2011 Oct 17;11(1):305**. doi:10.1186/1471-2148-11-305. ISSN: 1471-2148. [Impact Factor of 3.368];
27. Laura Cervantes, Patricia Bustos, Lourdes Girard, Rosa Isela Santamaría, Guillermo Dávila, Pablo Vinuesa, David Romero, and Susana Brom*. A Bean-nodulating *Sinorhizobium fredii* strain contains an unusual transmissible plasmid related to *Rhizobium etli* symbiotic plasmid to the chromosome of a *Sinorhizobium* sp. strain. **BMC Microbiology** **2011, 11:149 (25 June 2011)**. doi:10.1186/1471-2180-11-149. ISSN: 1471-2180. [Impact Factor of 2.729];
26. Jesús Silva, Jesus Ulises Garza-Ramos, Fernando Reyna-Flores, Alejandro Sánchez-Perez, Teresa Rojas-Moreno, Julieta Ivone Castro Romero, **Pablo Vinuesa**, Humberto Barrios. 2011. Extended-spectrum β -lactamase (ESBLs) producing Enterobacteriaceae causing nosocomial infections in Mexico, a retrospective and multicenter study. **Archives of Medical Research**. **42(2), 156-162**. doi:10.1016/j.arcmed.2011.02.004. ISSN: 0188-4409. [Impact Factor of 2.770];

2009

25. Cummings SP, Gyaneshwar P, **Vinuesa P**, Farruggia FT, Andrews M, Humphry D, Elliott GN, Nelson A, Orr C, Pettitt D, Shah GR, Santos SR, Krishnan HB, Odee D, Moreira FM, Sprent JI, Young JP, James EK. Nodulation of *Sesbania* species by *Rhizobium* (*Agrobacterium*) strain IRBG74 and other rhizobia. **Environ Microbiol**. **2009 Oct;11(10):2510-2525**. Epub 2009 Jun 25. ISSN: 1462-2912. [Impact Factor of 6.201];
24. Contreras-Moreira, B., Sachman-Ruiz, B. Figueroa-Palacios, I., and **Vinuesa, P***. primers4clades: a web server that uses phylogenetic trees to design clade-specific PCR primers for metagenomic and diversity studies. **Nucleic Acids Res**. **2009 Jul 1;37(Web Server issue):W95-W100**. Epub 2009 May 21. El servidor está libremente disponible desde la URL: <http://maya.ccg.unam.mx/primers4clades/>. ISSN: 0305-1048. [Impact Factor of 9.112];

2008

23. **Pablo Vinuesa***, Keilor Rojas-Jiménez, Bruno Contreras-Moreira, Suresh K. Mahna, Braj N. Prasad, Hla L. Moe, Suresh S. Babu, Heidemarie Thierfelder, and Dietrich Werner (2008). Biogeography and evolutionary genetics of four Bradyrhizobium species that nodulate soybeans on the Asiatic continent, assessed by multilocus sequence analysis. Appl. Environ. Microbiol. 74(22):6987-6996. Print ISSN: 0099-2240. Online ISSN: 1098-5336. [Impact Factor of 3.668];
22. Miguel E. Rentería, Neha S. Gandhi, **Pablo Vinuesa**, Erik Helmerhorst, Ricardo L. Mancera (2008). A Comparative Structural Bioinformatics Analysis of the Insulin Receptor Family Ectodomain Based on Phylogenetic Information. **PLoS ONE** **3(11):e3667**. doi:10.1371/journal.pone.0003667. ISSN: 1932-6203. [Impact Factor of 3.234]

2007

21. C. Sohlenkamp, K. A. Galindo-Lagunas, Z. Guan, **P. Vinuesa**, S. Robinson, J. Thomas-Oates, C. R. H. Raetz, and O. Geiger. (2007). The lipid lysyl-phosphatidylglycerol is present in membranes of *Rhizobium tropici* CIAT899 and confers increased resistance to polymyxin B under acidic growth conditions.

20. Sebastian Poggio, Cei Abreu-Goodger, Salvador Fabela, Aurora Osorio, Georges Dreyfus, **Pablo Vinuesa** and Laura Camarena* (2007). A complete set of flagellar genes acquired by horizontal transfer coexists with the endogenous flagellar system in *Rhodobacter sphaeroides*. **J. Bacteriol.** 189(8):3208-3216. ISSN: 0021-9193. Online ISSN: 1098-5530 [Impact Factor of 2.808].

19. Cerritos René, **Pablo Vinuesa**, Luis Eguiarte, Luis Herrera-Estrella, Luis D. Alcaraz-Peraza, Jackeline L. Arvizu-Gómez, Gabriela Olmedo, Janet Siefert and Valeria Souza. 2007. *Bacillus coahuilensis* sp. nov. a new moderately halophilic species from different ponds in the Cuatro Ciénegas Valley in Coahuila, México. **Int. J. Syst. Evol. Microbiol.** 58: 919-923. ISSN: 1466-5026 [Impact Factor of 2.511];

2006

18. Albino, U. B., Saridakis, D. P., Ferreira, M. C., Hungria, M., **Vinuesa, P.**, Andrade, G (2006). High diversity of diazotrophic bacteria associated with the carnivorous plant *Drosera villosa* var. villosa growing in oligotrophic habitats of Brazil. **Plant and Soil**, 287:199-207. ISSN: 0032-079X. [Impact Factor of 2.952]
17. Ormeño-Orrillo, E, **Vinuesa P**, Zúñiga-Dávila, D., Martínez-Romero E (2006) Molecular diversity of native bradyrhizobia isolated from Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Peru. **Syst. Appl. Microbiol.** 29:253-262. ISSN: 0723-2020. [Impact Factor of 2.822]

2005

16. Silva, C, **Vinuesa P**, Eguiarte LE, Souza V, and Esperanza Martínez-Romero E (2005) Evolutionary genetics and biogeographic structure of *Rhizobium gallicum sensu lato*, a widely distributed bacterial symbiont of diverse legumes. **Mol. Ecol.** 14:4033-4050. ISSN: 0962-1083. [Impact Factor of 6.494]
15. Rojas-Jiménez K, Sohlenkamp C, Geiger O, Martínez-Romero E, Werner D and **Vinuesa P*** (2005) A putative chloride channel and ornithine-containing membrane lipids of *Rhizobium tropici* CIAT899 are involved in symbiotic efficiency and acid tolerance. **Mol. Plant-Microbe Interact.** 18:1175-1185. ISSN: 0894-0282. [Impact Factor of 3.944]
14. **Vinuesa P***, Silva C, Werner D, Martínez-Romero E (2005) Population genetics and phylogenetic inference in bacterial molecular systematics: the roles of migration and recombination in *Bradyrhizobium* species cohesion and delineation. *Mol. Phylogenet. Evol.* 34(1):29-54. ISSN: 1055-7903 [Impact Factor of 3.916]
13. **Vinuesa P***, Silva C, Lorite, M J, Izaguirre-Mayoral, M L, Bedmar, E J, Martínez-Romero E (2005) Molecular systematics of rhizobia based on maximum likelihood and Bayesian phylogenies inferred from *rrs*, *atpD*, *recA* and *nifH* sequences, and their use in the classification of *Sesbania* microsymbionts from Venezuelan wetlands. **Syst. Appl. Microbiol.** 28:702-716. ISSN: 0723-2020. [Impact Factor of 2.822]
12. **Vinuesa P***, León-Barrios M, Silva C, Willems A, Jarabo-Lorenzo A, Pérez-Galdona R, Werner D, Martínez-Romero E (2005) *Bradyrhizobium canariense* sp. nov., an acid-tolerant endosymbiont that nodulates endemic genistoid legumes (Papilionoideae:Genisteae) from the Canary Islands, along with *Bradyrhizobium japonicum* bv. *genistearum*, *Bradyrhizobium* genospecies α and *Bradyrhizobium* genospecies β . **Int. J. Syst. Evol. Microbiol.** 55:569-575. ISSN: 1466-5026 [Impact Factor of 2.511];
11. Yousef Shamseldin A A, **Vinuesa, P**, Thierfelder H, Werner, D (2005) *Rhizobium etli* and *Rhizobium gallicum* nodulate *Phaseolus vulgaris* in Egyptian soils and display cultivar-dependent symbiotic

efficiency. **Symbiosis** **38(2): 145-162**. ISSN: 0334-5114 [Impact Factor of 1.438 and];

2004

10. Medrano-Soto A, Moreno-Hagelsieb G, **Vinuesa P**, Chisten A, Collado-Vidés J (2004) Successful lateral transfer requires codon usage compatibility between foreign genes and recipient genomes. **Mol. Biol. Evol.** **21(10) 1884-1894**. ISSN: 0737-4038; [Impact Factor of 9.105];

2003

9. Silva C, **Vinuesa P**, Eguiarte LE, Martinez-Romero E, Souza V (2003). *Rhizobium etli* and *Rhizobium gallicum* nodulate common bean (*Phaseolus vulgaris*) in a traditionally managed milpa plot in Mexico: population genetics and biogeographic implications. **Appl. Environ. Microbiol.** **69:884-893**. 67:3655-3664. Print ISSN: 0099-2240. Online ISSN: 1098-5336. [Impact Factor of 3.668];
8. Steele HL, P. **Vinuesa P**, Werner D (2003) A leucine biosynthesis mutant of *Rhizobium tropici* CIAT899 which survives at pH 3.5. **Biol. Fertil. Soils** **38:84-88**. ISSN: 0178-2762. [Impact Factor of 3.398].
7. **Vinuesa P**, Neumann-Silkow F, Pacios-Bras C, Spaink HP, Martinez-Romero E, Werner D (2003) Genetic analysis of a pH-regulated operon from *Rhizobium tropici* CIAT899 involved in acid tolerance and nodulation competitiveness. **Mol. Plant-Microbe Interact.** **16:159-168**. ISSN: 0894-0282. [Impact Factor of 3.944]

2002

6. Pacios-Bras C, van der Burgt YE, Deelder AM, **Vinuesa P**, Werner D, Spaink HP (2002) Novel lipochitin oligosaccharide structures produced by *Rhizobium etli* KIM5s. **Carbohydr. Res.** **337:1191-1200**. ISSN: 0008-6215. [Impact Factor of 1.929]

2001

5. Tan Z, Hurek T, **Vinuesa P**, Muller P, Ladha JK, Reinhold-Hurek B (2001) Specific detection of *Bradyrhizobium* and *Rhizobium* strains colonizing rice (*Oryza sativa*) roots by 16S-23S ribosomal DNA intergenic spacer-targeted PCR. **Appl. Environ. Microbiol.** **67:3655-3664**. Print ISSN: 0099-2240. Online ISSN: 1098-5336. [Impact Factor of 3.668];

2000

4. Jarabo-Lorenzo A, Velazquez E, Perez-Galdona R, Vega-Hernandez MC, Martinez-Molina E, Mateos PE, **Vinuesa P**, Martinez-Romero E, Leon-Barrios M (2000) Restriction fragment length polymorphism analysis of 16S rDNA and low molecular weight RNA profiling of rhizobial isolates from shrubby legumes endemic to the Canary islands. **Syst. Appl. Microbiol.** **23:418-425**. ISSN: 0723-2020. [Impact Factor of 2.822]

1999

3. Redecker D, Feder IS, **Vinuesa P**, Batinic T, Schulz U, Kosch K, Werner D (1999) Biocontrol strain *Pseudomonas* sp. W34: specific detection and quantification in the rhizosphere of *Cucumis sativus* with a DNA probe and genotypic characterization by DNA fingerprinting. **Z Naturforsch [C]** **54:359-370**. ISSN 0939-5075. [Impact Factor of 0.552]
2. **Vinuesa P**, Reuhs BL, Breton C, Werner D (1999) Identification of a plasmid-borne locus in *Rhizobium etli* KIM5s involved in lipopolysaccharide O-chain biosynthesis and nodulation of *Phaseolus vulgaris*. **J.**

1998

1. **Vinuesa P**, Rademaker JLW, de Bruijn FJ, Werner D (1998) Genotypic characterization of *Bradyrhizobium* strains nodulating endemic woody legumes of the Canary Islands by PCR-restriction fragment length polymorphism analysis of genes encoding 16S rRNA (16S rDNA) and 16S-23S rDNA intergenic spacers, repetitive extragenic palindromic PCR genomic fingerprinting and partial 16S rDNA sequencing. **Appl. Environ. Microbiol.** **64:2096-2104**. Print ISSN: 0099-2240. Online ISSN: 1098-5336. [Impact Factor of 3.668];

CAPITULOS EN LIBROS (Excluyendo todas las autocitas en Google Scholar; Nov 2015)

11. **Pablo Vinuesa*** and Bruno Contreras-Moreira 2015. Chapter 27. **Pangenomic analysis of the Rhizobiales using the GET_HOMOLOGUES software package.** Pages 271-280 in [Biological Nitrogen Fixation 7, Vol. I](#). Frans J. de Bruijn Editor. Wiley/Blackwell. ISBN: 978-1-118-63704-3. No. citas = 0.
10. **Vinuesa, P.***, and B. Contreras-Moreira. 2015. **Robust identification of orthologues and paralogues for microbial pan-genomics using GET_HOMOLOGUES: a case study of pIncA/C plasmids.** Methods Mol. Biol. 1231:203-232. [PubMed PMID: 25343868](#). ISSN: 1064-3745. doi: 10.1007/978-1-4939-1720-4_14. No. citas = 0.
9. Bernardo Sachman-Ruiz, Bruno Contreras-Moreira, Enrique Zozaya, Cristina Martínez-Garza and **Vinuesa, P.***. 2011. Chapter 51. Primers4clades, a web server to design lineage-specific PCR primers for gene-targeted metagenomics. Pages 441-452 in Frans J. de Bruijn (ed.), Handbook of Molecular Microbial Ecology vol.I: Metagenomics and Complementary Approaches. Wiley/Blackwell. ISBN: 978-0-470-64479-9.
8. **Vinuesa, P.** Multilocus Sequence Analysis and Bacterial Species Phylogeny Estimation. Chapter 3 In Molecular Phylogeny of Microorganisms, Aharon Oren and R. Thane Papke eds. Caister Academic Press. Pp. 41-64. Publication date: July 2010 ISBN: 978-1-904455-67-7. **Citas = 12** <http://www.horizonpress.com/phylogeny/>
7. Ormeño-Orrillo E., Rogel, M.A., Lloret, L., López, A., **Vinuesa, P.** and Martínez-Romero, E. 2010. Rhizobial diversity in different land use systems in the rain forest of Los Tuxtlas, Mexico. Pp. 50-65 In Barois, Huising, Okoth, Trejo and De Los Santos eds. The Biodiversity in the Sierra de Santa Marta, Mexico. Instituto de Ecología A.C., Xalapa, Ver. México. ISBN: 978-607-7579-14-4.
6. Silva y **P. Vinuesa** (2007). Ecología evolutiva de bacterias y el concepto de especie: el caso de los rizobios. Capítulo 11, En Ecología Molecular. L.E. Eguiarte, V. Souza y X. Aguirre (compiladores). Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, Instituto Nacional de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. pp. 351-392.
5. Rademaker JLW, Aarts HJM, **Vinuesa P** (2005) Molecular typing of environmental isolates. In: M. OA (ed) Molecular Microbial Ecology. BIOS Scientific Publisher, Oxford, UK. pp. 97-134. **Citas = 9**
4. Rademaker JLW, Louws, F. J., Rossbach, U., **Vinuesa, P.**, and de Bruijn, F. J. 1998. Computer-assisted pattern analysis of molecular fingerprints and database construction. In: Akkermans ADL, van Elsas JE, de Bruijn FJ (eds) Molecular ecology manual. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, section (7.1.3), pp 1-33. **Citas = 69**

3. **Vinuesa P**, Silva C (2004) Species delineation and biogeography of symbiotic bacteria associated with cultivated and wild legumes. In: Werner D (ed) Biological Resources and Migration, Chapter 13. Springer Verlag, Berlin, pp 143-155. **Citas = 12**
2. Werner D, Neumann-Silkow F, Prasad BN, Steele H, Redecker D, **Vinuesa P**, Mueller P (2003). Biotechnology and biodiversity of plant-microbe interactions. In: Prasad BN (ed) Biotechnology in Sustainable Biodiversity and Food Security, Chapter 3. SCIENCE PUBLISHERS, Inc. Enfield, New Hampshire, USA.
1. **Vinuesa P**, Rademaker JLW, de Bruijn FJ, Werner D (1999) Characterization of *Bradyrhizobium* spp. strains by RFLP analysis of amplified 16S rDNA and rDNA intergenic spacer regions. In: Martínez E, Hernández G (eds) Highlights on Nitrogen Fixation. Plenum Publishing Corporation, New York, p 275-279.

Presentaciones orales en congresos/simposios/seminarios científicos (invitaciones)

2017

45. Pablo Vinuesa*, Javier Rivera Campos, Luz Edith Ochoa Sánchez, Claudia Torres and Bruno Contreras-Moreira The genomic basis of resistance and host adaptation in *Stenotrophomonas*. En V Congreso Nacional de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias, 1-5 Octubre de 2017, Chautla, Puebla.
<https://smb.org.mx/v-congreso-de-bioquimica-y-biologia-molecular-de-bacterias/>

44. Pablo Vinuesa*, Luz Edith Ochoa Sánchez, Bruno Contreras-Moreira (2017). Base genómica de la diferenciación de nicho en especies simpátricas de *Stenotrophomonas*. Simposio de Ecología Microbiana en el VI Congreso Mexicano de Ecología 30 Julio – 4 Agosto de 2017. León, Gto.
<https://region21.mx/memorias-simposios>.

2016

43. Pablo Vinuesa*, Fabiola Miranda-Sánchez and Javier Rivera-Campos (2016). Assembly and differentiation of the rhizobial microbiome of legume plants. En Microbiomemx, C3-UNAM, del 18 al 20 de Mayo del 2016. <https://microbiomemx.wordpress.com/programa-programa/>.

2015

42. 6-9 Diciembre 2015. Fabiola Miranda-Sánchez, Javier Rivera and **Pablo Vinuesa*** (2015). Revealing the magnitude of host effects on the structure of *Rhizobiaceae* communities inhabiting soils, root-surfaces and nodules in a Mexican tropical forest. **In 23rd North American Conference on Symbiotic Nitrogen-fixation. Ixtapa-Zihuatanejo, GRO, México. 6-9 Diciembre 2015.**
<http://23nacsfnf.ccg.unam.mx/>
 *Presenting author.

41. 4-8 Octubre de 2015. Pablo Vinuesa*, Luz Edith Ochoa Sánchez, Perla Tinoco Carrillo and Bruno Contreras-Moreira. 2015. Comparative genomics of 33 environmental multi-drug resistant *Stenotrophomonas* strains from Mexico uncovers novel core and accessory MDR efflux pumps. **In IV Congreso de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias, Metepec Atlixco, Puebla. 4-8 Octubre de 2015.** <http://www.smb.org.mx/iv-congreso-de-bioquimica-y-biologia-molecular-de-bacterias/>; <http://www.smb.org.mx/wp-content/uploads/2015/05/Programa-Académico-Final-.pdf>
 *Presenting author.

40. **17-21 May 2015 Pablo Vinuesa***, Luz E. Ochoa-Sánchez, Jazmin-Ramos Madrigal, Pablo Rodríguez Bucheli, Perla Tinoco and Javier Rivera. 2015. Exploring the effects of anthropogenic pollution on the environmental resistome of rivers and agricultural soils in Central Mexico using microbiological and genomic approaches. *In Environmental Dimensions of Antibiotic Resistance (EDAR-3), 17-21 May 2015, Wernigerode, Germany.* <http://www.antibiotic-resistance.de/>
http://www.antibiotic-resistance.de/fileadmin/congress/media/edar/pdf/EDAR2015_Hpr_web.pdf
*Presenting author.
39. **6-7 Agosto de 2015. Pablo Vinuesa*** and Bruno Contreras-Moreira. 2015. ANALYZING THE PAN-GENOME OF ENVIRONMENTAL MULTIDRUG-RESISTANT STENOTROPHOMONAS STRAINS USING THE GET_HOMOLOGUES SOFTWARE PACKAGE. *En Primer Simposium Nacional de Genómica Estructural, Comparativa y Funcional. Cuernavaca, Morelos. 6-7 Agosto de 2015.*
<http://www.cidc.uaem.mx/omica/>
<http://www.cidc.uaem.mx/wp-content/uploads/2015/08/programa-Symposium-4.pdf>
*Presenting author.
38. **9 de Febrero 2015. Vinuesa P***, Ochoa-Sánchez LE, Tinoco-Carrillo P, Ramos-Madrigal J y Rivera J. “Explorando el resistoma ambiental de Morelos mediante aproximaciones microbiológicas y genómicas”. **Seminario Institucional del Instituto de Biotecnología, UNAM. 9 de Febrero 2015.**
- 2014**
37. **19-21 Mayo 2014. P. Vinuesa.** Exploring the environmental resistome of Mexican soils and water bodies in Morelos with contrasting degree of anthropogenic perturbation. *In: Mathematical Models and Experimental Microbial Systems Symposium on “Systems Biology of Drug Resistance Evolution”.* CCG-UNAM, Cuernavaca, Mor. México. Ponente. http://www.mmems.org/workshop_sbdr.php
- 2013**
36. **23-28 Junio 2013. GUZMÁN-TRAMPE S IKEDA H VINUESA P SÁNCHEZ S** GENOME MINING: AN APPROACH TO FINDING BIOACTIVE SECONDARY METABOLITES IN STREPTOMYCES SP. STRAIN K155, **International Symposium on the Genetics of Industrial Organisms. June 23-28, Cancún, QRO, México.**
- 2012**
35. **2-5 Septiembre 2012. PABLO VINUESA BRUNO CONTRERAS-MOREIRA (2012).** GET_HOMOLOGUES: A SOFTWARE PACKAGE FOR COMPARATIVE GENOMICS AND MICROBIAL PANGENOMICS, *In GENOMICS OF NITROGEN FIXING ORGANISMS, SATELLITE MEETING OF THE 10th European Nitrogen Fixation Conference, Munich, Germany. September 2-5, 2012.*
34. **2 Diciembre 2012. BRUNO CONTRERAS-MOREIRA PABLO VINUESA.** INTRODUCING GET_HOMOLOGUES AND FOOTPRINTDB. *In Bioinformatics Workshop "Evaluation of Test Cases". Consorcio AllBio Bioinformatics, Milan, Italia.*
- 2011**
33. **11-15 Diciembre de 2011. Vinuesa, P.** 2011. Primers4clades, a Web Server to Design Lineage-Specific PCR Primers for Gene-Targeted metagenomics: A Case Study with Environmental Mycobacteria. *In XVIth International Symposium on the Biology of Actinomycetes, Pto. Vallarta, Mexico.(Ponente).*
32. **23-27 Agosto de 2011. Vinuesa, P.** 2011. Moderator of the Session on “Evolutionary Ecology in Cuatro Ciénegas”. **American Genetics Association Annual Symposium: Genomics and Evolution, vol.** <http://www.theaga.org/2011/>, Irapuato and Guanajuato, Gto., Mexico. (Moderador).
31. **23-27 Agosto de 2011. Vinuesa, P.** 2011. Genome-wide selection of highly informative PCR-amplicons

- for environmental and evolutionary microbiology studies. **American Genetics Association Annual Symposium: Genomics and Evolution**, vol. <http://www.theaga.org/2011/>, Irapuato and Guanajuato, Gto., Mexico. (Ponente).
30. **3-7 Abril de 2011.** Enrique Zozaya, Agustín Avila, Fabiola Miranda & Pablo Vinuesa*. Análisis metagenómico de comunidades de rizobios en parches conservados y alterados de selva baja caducifolia. **III CONGRESO DE LA SOCIEDAD CIENTÍFICA MEXICANA DE ECOLOGÍA**, Boca del Río, Veracruz. <http://www.uv.mx/congreso-ecologia-2011/programa.html> (Ponente).
29. **14-15 Octubre de 2010.** Enrique Zozaya, Agustín Avila, Fabiola Miranda & Pablo Vinuesa*. Lineage-targeted metagenomic analysis of rhizobial communities - En **Microbial Biodiversity Symposium 2010**, Centro de Ciencias Genómicas – UNAM., Cuernavaca, México.
<http://congresos.ccg.unam.mx/contributionDisplay.py?contribId=8&sessionId=39&confId=14>
28. **11 de Octubre de 2010.** Pablo Vinuesa. Análisis metagenómico de comunidades *Bradyrhizobium* asociadas a selvas mexicanas. En **II Congreso Internacional de Interacciones Microbianas**. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.
http://cmas.siu.buap.mx/portal_pprd/wb/BBUAP/ii_congreso_internacional_de_interacciones_microbi
27. **29 Junio- 2 Julio 2010.** Pablo Vinuesa. Selección a escala genómica de marcadores moleculares óptimos para estudios de microbiología ambiental y evolutiva. En **XXXVII Congreso Nacional de Microbiología**, 29 Junio- 2 Julio 2010. Morelia, Mi, México.
26. **23 de Octubre de 2009.** Pablo Vinuesa. Filogenómica, marcadores moleculares e historia natural de bacterias. En: **SIMPOSIO: BIODIVERSIDAD-ENFOQUES EN BIOLOGÍA MOLECULAR**, 19-23 de Octubre del 2009, CICY, Mérida, Yucatán.
<http://www.cicy.mx/documentos/symposium/index.html>
25. **19 Octubre 2009.** Pablo Vinuesa. Estima de la diversidad molecular de micobacterias ambientales en ríos de Morelos usando aproximaciones metagenómicas y dependientes de cultivo. En **el 5º Simposio Fronteras del Conocimiento en Tuberculosis y otras Micobacteriosis “Dr. Joseph Colston”**. Facultad de Medicina, UNAM. Auditorio “Dr Fernando Ocaranza” 19 y 20 de octubre del 2009.
24. **9 Septiembre 2009.** Pablo Vinuesa. Análisis automatizado de la diversidad molecular de secuencias de virus de influenza A/H1N1 depositadas en GenBank. En **XXXVII Jornadas Méd.-Quir. del INER y XXVI Jornadas Med. del HGMGG. Epidemias Respiratorias: “La experiencia de la Influenza”** 9-10 Septiembre de 2009. México.
http://www.iner.salud.gob.mx/contenidos/XXXVII_jornadas_medico_quirurgicas.html.
23. **16 de Junio 2009.** Pablo Vinuesa. Selección a escala genómica de marcadores moleculares óptimos para estudios de microbiología ambiental y evolutiva, usando aproximaciones metagenómicas y dependientes de cultivo. **VI Reunión de la Sociedad Mexicana de Astrobiología 16-17 de Junio del 2009**. Auditorio “Paris Pishmish”, Instituto de Astronomía, UNAM, México.
22. **Pablo Vinuesa***, Iraís Figueroa-Palacios, Agustín Avila Casanueva, Enrique Zozaya, Bernardo Sachman y Bruno Contreras-Moreira. 2008. Selección a escala genómica de marcadores moleculares para estudios de historia natural de rizobios. **XXIV Reunión de la Red Latinoamericana de Rhizobiología, La Habana, Cuba. 4-8 de Mayo 2009. Ponencia – viaje a Cuba CANCELADO POR A/H1N1 ...**
21. **24 de Abril 2009.** Pablo Vinuesa. Selección a escala genómica de marcadores moleculares optimizados para estudios de microbiología ambiental y evolutiva. Estación Experimental del Zaidín, **Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Granada, España.**
20. **13 de Febrero 2009.** Pablo Vinuesa. Aproximación Filogenómica al Desarrollo de Marcadores Moleculares para Estudios de Microbiología Ambiental y Evolutiva. Simposio de Evolución

Molecular, **Evento de Conmemoración del Natalicio y Obra de Charles Darwin**. Cinvestav-Irapuato, Guanajuato. México.

19. **30 Octubre 2008. Pablo Vinuesa***, Iraís Figueroa-Palacios, Agustín Avila Casanueva, Enrique Zozaya, Bernardo Sachman y Bruno Contreras-Moreira. 2008. Filogenómica, marcadores moleculares e historia natural de rizobios. **VIII Congreso Nacional de la Fijación Biológica del Nitrógeno**. Cuernavaca, Morelos. 29-31 Octubre 2008. *Ponencia*.
18. **30 Agosto 2008. Bruno Contreras-Moreira, Iraís Figueroa-Palacios, Agustín Avila Casanueva, Enrique Zozaya, Bernardo Sachman and Pablo Vinuesa* (2008)**. Genome-wide selection of primer pairs amplifying highly informative amplicons for multilocus sequence analyses. **8th European Nitrogen Fixation Conference, Gent, Belgium, August 30th - September 3rd. Genomics of Nitrogen-Fixing Organisms - Workshop I. Ponencia**.
17. **11 de Enero de 2008. Pablo Vinuesa - Filogenómica, marcadores moleculares e historia natural de rizobios**. Seminario institucional impartido en el Instituto de Ecología de la UNAM, 11 de Enero de 2008.
16. **25 de Junio de 2008. Pablo Vinuesa - Filogenómica, marcadores moleculares e historia natural de bacterias** Seminario institucional impartido el 25 de Junio de 2008 en la Sala Polivalente de la Fac. de Ciencias Biológicas de la UANL, Monterrey, NL.
15. **8-10 de Agosto de 2007. III-Seminario de actualización en Genética, Facultad de Ciencias, Programa de Educación Abierta y Continua - UNAM**. “Filogenómica, marcadores moleculares y nuestra percepción de las especies bacterianas”.
14. **29 de Agosto de 2007**. Seminario de Investigación en el Laboratorio de Simbiosis Tropicales y Mediterráneas – INRA/CNRS/ICARDA de Montpellier, Francia. “Phylogenomic Approaches to Develop Informative Markers for Rhizobial Systematics”.
13. **2 de Octubre de 2007**. Seminario Institucional del Instituto de Biología, UNAM. “Filogenómica, marcadores moleculares e historia natural de rizobios simbióticos”.
<http://www.ecologia.unam.mx/sie/seminarios/semoi-2007.htm>
12. **8 de Noviembre de 2007: Phylogenomics, molecular markers and natural history of rhizobia**
Departmental Seminars - Department of Ecology and Evolutionary Biology, Michigan University.
Date: 11/8/2007, 4:10 - 5:10 p.m.
Location: Kraus Natural Science auditorium
Host department: Ecology and Evolutionary Biology
<http://www.eeb.lsa.umich.edu/eeb/news/seminararcf07.html>
11. **28 de Noviembre de 2007**. “Filogenómica, marcadores moleculares e historia natural de rizobios simbióticos”. **Seminario de Investigación en el Departamento de Ciencias del Suelo de la Universidad Federal de Lavras, Minas Gerais, Brasil.**
10. **Vinuesa P., C. Silva y y E. Martínez-Romero 2006**. Evolutionary Genetics, Species Delineation and Biogeography of Rhizobia. **Conferencia invitada en el XI International Symposium on Microbial Ecology (ISME-11), celebrado en Viena, Austria, 20-25 de Agosto de 2006**, presentado en la sesión de “Biogeography and Biodiversity Patterns” en la que fui co-convenor junto con el Dr. James Tiedje.
<http://www.kenes.com/isme/program/session1.asp>.
9. **Pablo Vinuesa, C. Silva, D. Romero and E. Martínez-Romero. 2006**. Sexual isolation between sympatric *Bradyrhizobium* species with overlapped ecological niches: a challenge for current bacterial species. Interdisciplinary Workshop on “Do Species Matter in Microbial Communities?”, presented by one of the NSF **Frontiers in Integrative Biology Research (FIBR) Project Symposium**, Montana State University, USA.. 31 Julio – 2 Agosto 2006. Organizado por: **Dave Ward**, microbial ecology, Montana State University, **Fred Cohan**: evolutionary biology, Wesleyan University, **John Heidelberg**: environmental genomics, The Institute for Genomic Research , **Devaki Bhaya**: cyanobacterial molecular genetics, Carnegie Institution, Stanford, **Arthur Grossman**: cyanobacterial

physiology, Carnegie Institution, Stanford.

8. **Vinuesa P.**, B. Contreras, C. Silva y E. Martínez-Romero 2006. Genómica, marcadores moleculares y nuestra percepción de las especies bacterianas: aspectos ecológicos y evolutivos. XXXV Congreso Nacional de Microbiología, Abril, Oaxtepec Mor. México.
7. **Vinuesa P**, Claudia Silva, and Esperanza Martínez-Romero (2004). The impact of migration, recombination and horizontal gene transfer in the molecular ecology and species delineation of bacteria. **Int. Symposium on Microbial Ecology (ISME-10), Cancún, 22-27 August 2004.**
6. Silva, C., **P. Vinuesa**, E. Martínez-Romero, L.E. Eguiarte, and V. Souza. 2004. *Rhizobium population genetics: the species concept revisited*. En: *10th International Symposium on Microbial Ecology ISME10: Sub-surface to Space*. Cancún, Quintana Roo, Mexico.
5. **Vinuesa P**, Silva C., Martínez-Romero E. (2004). The roles of migration, recombination and horizontal gene transfer in bacterial evolution and species delineation. **Primera Reunión Mexicana sobre Biología Filogenética, Xalapa, Ver. Mexico (19-24 Junio, 2004)**
4. **Vinuesa P**, C. Silva, E. Martínez Romero (2003). "Biogeography and migration of symbiotic bacteria associated to agricultural and wild legumes" **International Conference and OECD Workshop Biological Resources and Migration, October 5 – 8, 2003 Philipps-University Marburg, Germany.**
3. **Vinuesa P**, C. Silva, E. Ormeño, D. Werner, E. Martínez Romero. 2002. Sistemática y ecología del género *Bradyrhizobium*: avances y perspectivas. **XXI Reunión Latinoamericana de Rhizobiología y VI Congreso Nacional de la Fijación Biológica de Nitrógeno, 21-24 Oct. de 2002, Cocoyoc, Mor. México.**
2. **Vinuesa P**, Rademaker J L W, de Bruijn F J, Werner D 1999. Characterization of *Bradyrhizobium* spp. strains by RFLP analysis of amplified 16S rDNA and rDNA intergenic spacer regions. **9th North American Conference on Nitrogen Fixation. Febrero 1998, Cancún, México.**
1. **Vinuesa P**, Negrín M A Jaizme-Vega M C, Hernández-Moreno, J M 1996. Arbuscular mycorrhizal plants mediated transformations of the P pools in an andisol. **4th European Symposium on Mycorrhizae. Julio 1994, Granada, Spain.**

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN VIGENTES (2018)

1) Descubriendo el impacto del genoma accesorio en la evolución de cepas atípicas de Salmonella Typhimurium causantes de infecciones sistémicas en México.

Proponente: Dr. Edmundo Calva Mercado

Institución que otorga el donativo: Fronteras de la Ciencia – CONACYT;

Año de inicio: Enero de 2017

Rol: Colaborador de la propuesta.

Monto total otorgado: \$4,000,000 MN. 2017-2018.

2018-2020. **Investigador responsable** del proyecto DEGAPA/PAPIIT-UNAM, IN206318, Convocatoria 2013 “Predicción genómica y análisis funcional de determinantes de resistencia y virulencia en *Stenotrophomonas maltophilia*, un patógeno oportunista emergente”.

EXPERIENCIA DOCENTE (2018 - 2013)

- 2018. Módulo de Genómica en el curso de OMICAS – UAEM, 2018-2.**
<https://github.com/vinuesa/intro2phyloinfo>. Profesor de 3 sesiones teórico-prácticas de 5 horas. Sesión I: introducción al biocómputo en sistemas Linux/UNIX; sesión II: Genómica comparativa y pan-genómica – prácticas con el paquete GET_HOMOLOGUES; sesión III: Introducción a la filogenómica - prácticas con el paquete GET_PHYLOMARKERS. Octubre-Noviembre de 2017.
Duración: 15 hrs. 22 de Marzo de 2018. <https://github.com/vinuesa/intro2phyloinfo>
Nivel: Maestría.
- 2018. “Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica”** Profesor invitado del curso “Métodos Basados en el Análisis de ADN para la Detección e identificación de Microorganismos” del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM, organizado por la Dra. Ma. Del Carmen Quirasco, de la Fac. de Química de la UNAM.
Duración: 6 hrs. 21 de Marzo de 2018.
Nivel: Maestría.
- 2017. Módulo de Genómica en el curso de OMICAS – UAEM, 2018-1.** Profesor de 2 sesiones teórico-prácticas de 5 horas. Sesión I: introducción al biocómputo en sistemas Linux/UNIX; sesión II: Genómica comparativa y pan-genómica – prácticas con el paquete GET_HOMOLOGUES; 7 y 18 de Noviembre de 2017.
Duración: 10 hrs.
Nivel: Maestría.
- 2017. Genómica Evolutiva I.** Semestre 2018-1. Soy el profesor responsable de la materia. Dos sesiones semanales de 2.5 horas, por todo el semestre, en la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG) de la UNAM. Nivel Licenciatura.
http://cursos.lcg.unam.mx/claroline/course/index.php?id=FILO_2017&cidReq=FILO_2018
- 2017. “Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica”** Profesor invitado del curso “Métodos Basados en el Análisis de ADN para la Detección e identificación de Microorganismos” del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM, organizado por la Dra. Ma. Del Carmen Quirasco, de la Fac. de Química de la UNAM.
Duración: 6 hrs. 22 de Marzo de 2017.
Nivel: Maestría-Doctorado.
- 2017. Profesor del Taller de Filoinformática del TIB17.**
<http://congresos.nnb.unam.mx/TIB2017/filoinformatica/>
http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/TIB17_filoinfo/
- 2017. Miembro del Comité organizador de los Talleres Internacionales de**

Bioinformática (TIB17), celebrados en el CCG, del 16-27 de Enero de 2017.
<http://congresos.nnb.unam.mx/TIB2017/>

2016. Genómica Evolutiva I. Semestre 2017-1. Soy el profesor responsable de la materia. Dos sesiones semanales de 2.5 horas, por todo el semestre, en la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG) de la UNAM. Nivel Licenciatura.
http://cursos.lcg.unam.mx/claroline/course/index.php?id=FILO_2017&cidReq=FILO_2017

2016. Curso Fundamental de Análisis Estadístico en Ciencias Biológicas usando R. CCG-UNAM. Programas de Doctorado en Ciencias Bioquímicas y C. Biomédicas de la UNAM. Semestre 2017/1, Universidad Nacional Autónoma de México, Agosto- Noviembre 2016. Nivel: Doctorado.
3 hrs/semana, todo el semestre (40 hrs)
3 Profesores responsables, 3 ayudantes.
<http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/R4bioinfo/>

http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/R4biosciences/docs/Tema8_correlacion_presentacionR.html#/
http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/R4biosciences/docs/Tema9_regresion_presentacionR.html#/

2016. Sesión 1 (4 Mayo): Inferencia filogenética bajo máxima verosimilitud.
Sesión 2 (11 de Mayo): Pangenómica microbiana.
Impartidas dentro del curso: **Temas Selectos de R Introductorio: Estadística y Bioinformática**, corrdinado por la Dra. Yalbi Balderas, en el Programa de Posgrado en Ciencias Biológicas de la UNAM. Facultad de Ciencias – UNAM. 4 hrs por sesión. 8 horas en total.

2016. “Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica” Profesor invitado del curso “Métodos Basados en el Análisis de ADN para la Detección e identificación de Microorganismos” del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM, organizado por la Dra. Ma. Del Carmen Quirasco, de la Fac. de Química de la UNAM.
Duración: 6 hrs. 9 de Marzo de 2016.
Nivel: Doctorado.

2015. Curso Fundamental de Introducción a la Bioinformática. CCG-UNAM. Programas de Doctorado en Ciencias Bioquímicas y C. Biomédicas de la UNAM. Semestre 2016/1, Universidad Nacional Autónoma de México, Agosto-Noviembre 2015. Nivel: Doctorado.
<http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/intro2bioinfo/>

2015. Introducción a la programación en Perl para bioinformática. Semestre 2015-2. Tópico selecto para los programas de posgrado de la UNAM en Ciencias Biológicas, Biomédicas y Bioquímicas. CCG-UNAM, 31 de Enero al 23 de Mayo, 2014. 3 horas semanales, todo el semestre. <http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/perl4bioinfo/>

- 2015. “Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica”** Profesor invitado del curso “Métodos Basados en el Análisis de ADN para la Detección e identificación de Microorganismos” del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM, organizado por la Dra. Ma. Del Carmen Quirasco, de la Fac. de Química de la UNAM. Duración: 6 hrs. 12 de Febrero de 2015. Nivel: Doctorado.
- 2015. Genómica Evolutiva I.** Semestre 2016-1. Soy el profesor responsable de la materia. Dos sesiones semanales de 2.5 horas, por todo el semestre, en la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG) de la UNAM. Nivel Licenciatura.
http://cursos.lcg.unam.mx/index.php?category=2014_2015-1
- 2014. Talleres internacionales de Bioinformática.** CCG-UNAM y SoiBio. Organizador, Profesor y web-master. Duración: 2 semanas, 80 hrs. Se impartieron dos talleres. El Taller 1: Introducción al biocómputo en Sistemas Linux dirigido a principiantes. El Taller 2: Bioinformática para análisis de datos de secuenciación masiva (NGS) es de nivel intermedio a avanzado. <http://congresos.nnb.unam.mx/TIB2014> 13-24 de Enero de 2014. Nivel Doctorado.
- 2014. “II Curso de uso y aplicaciones de análisis filogenéticos moleculares”.** Curso impartido en el marco del Programa de Colaboración FMVZ-UANL/UNAM, Coord. de la Investigación Científica, UNAM, a través de la Secretaría Técnica de Intercambio Académico. Subdirección de Educación Continua Universidad Autónoma de Nuevo León. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Escobedo NL. 21 hrs. Nivel: Posgrado.
- 2014. Bioinformática aplicada para análisis genómicos de microorganismos.** Semestre 2014-2. Tópico selecto para los programas de posgrado de la UNAM en Ciencias Biológicas, Biomédicas y Bioquímicas. CCG-UNAM, 31 de Enero al 23 de Mayo, 2014. 3 horas semanales, todo el semestre.
<http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/bioinfo4NGS/>
- 2014 “Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica”** Profesor invitado del curso “Métodos Basados en el Análisis de ADN para la Detección e identificación de Microorganismos” del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM, organizado por la Dra. Ma. Del Carmen Quirasco, de la Fac. de Química de la UNAM. Duración: 6 hrs. 12 de Febrero de 2014. Nivel: Doctorado.
- 2014. Genómica Evolutiva I.** Semestre 2015-1. Soy el profesor responsable de la materia. Dos sesiones semanales de 2 horas, por todo el semestre, en la Licenciatura en Ciencias Genómicas (LCG) de la UNAM. Nivel Licenciatura.
http://cursos.lcg.unam.mx/index.php?category=2014_2015-1
- 2014. Introducción a la filoinformática.** Semestre 2015-1. Curso ad-hoc de doctorado. PDC Biomédicas. Profesor de 10 sesiones de 3 hrs. CCG-UNAM.

- 2013. Genómica Evolutiva I. Semestre 2014-1.** Soy el profesor responsable de la materia. Dos sesiones semanales de 2 horas, por todo el semestre, en la Licenciatura en Ciencias Genómicas, (LCG) de la UNAM.
- 2013. Bases de programación en Perl para bioinformática. Tópico selecto de doctorado semestre 2014/1.** Profesor y Coordinador del curso, una clase semanal de 3 horas, por todo el semestre para los posgrados de C. Bioquímicas, C. Biológicas y C. Biomédicas de la UNAM, en colaboración con los Drs. Enrique Merino y Rosa Ma. Gutiérrez del IBT-UNAM. <http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/perl4bioinfo/>. Doctorado, 45 hrs.
- 2013 Introducción a la filoinformática. Análisis Molecular y Filogenético de Comunidades Microbianas. Curso Internacional IVIC - CLAB – UNESCO.** Centro Latinoamericano de Ciencias Biológicas, 17-26 de Junio 2013 – Caracas, Venezuela. http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/filoinfo_IVIC-CLAB13/. 24 hrs.
- 2013. Curso Fundamental de Introducción a la Bioinformática.** Semestre 2013/2, Universidad Nacional Autónoma de México. Enero-Mayo 2013. Profesor y Coordinador del curso, una clase semanal de 3 horas, por todo el semestre para los posgrados de C. Bioquímicas, C. Biológicas y C. Biomédicas de la UNAM, en colaboración con los Drs. Enrique Merino y Rosa Ma. Gutiérrez del IBT-UNAM. Nivel Posgrado. 45 hrs.
- 2013 “Introducción a la inferencia filogenética: teoría y práctica”** Profesor invitado del curso “Métodos Basados en el Análisis de ADN para la Detección e identificación de Microorganismos” del Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM, organizado por la Dra. Ma. Del Carmen Quirasco, de la Fac. de Química de la UNAM. Duración: 6 hrs. 20 de Febrero de 2013.

(CO)DIRECCION DE TESIS DE LICENCIATURA Y DOCTORADO

En proceso:

2016-1 → Biol. Daniel Cazares López. Doctorado en el PDC Biomédicas. Tesis: Análisis de fagos promiscuos en comunidades bacterianas y su rol en la transferencia horizontal de determinantes de resistencia a antibióticos y virulencia. (2016-1 → Semestre 5).

2013-1-> M. en C. Luz Edith Ochoa Sánchez. PDC Biomédicas, doctorado. Candidata a Dr.
Tesis: Caracterización del resistoma ambiental mediado por elementos genéticos móviles en ríos de México con grado contraste de contaminación residual. 2012-2-> (Semestre 9).
Se titulará en el semestre 2018-1. Ya tiene su publicación (Ochoa-Sánchez y Vinuesa, 2017).

2013-2 -> M. en C. Perla Tinoco Carrillo. Aceptada como alumna de posgrado en el PDC

Biomédicas en las entrevistas de admisión del 24-25 Octubre 2012. Obtuvo la candidatura a Dr. en el semestre 2015-1. Título de la Tesis : “Potencial de movilización del resistoma mediado por elementos genéticos móviles en suelos de Morelos” (Semestre 8).

Concluidas:

2010/2–2016/1. Tutor de Tesis de doctorado de **Fabiola Miranda Sánchez, PDCB, CCG-UNAM**. Título de la tesis: "Análisis de patrones de diversidad de *Rhizobium etli* y de sus genes simbióticos en suelos agrícolas y de Selva Baja Caducifolia". Fecha de graduación: **8 de Enero de 2016**. Con Mención Honorífica. Se encuentra actualmente en el MIT, Mass. EU, haciendo su posdoc.

2010/2–2012/2. Tutor de Tesis de Licenciatura de **Jazmín Ramos Madrigal**, Licenciatura en Ciencias Genómicas de la UNAM. Proyecto de tesis: "Diversity and Prevalence of Class-1 Resistance-Integrans in *Escherichia coli* Isolates Recovered from Rivers in Morelos, Mexico". **Examen profesional con mención honorífica en Mayo de 2012**. Con Mención Honorífica.

2007/2-2010/2 Tutor de tesis de licenciatura de **Enrique Zozaya Valdés**, LCG-UNAM sobre “Aproximación linaje y gen específica al análisis metagenómico de comunidades de rizobios”. **Examen Profesional: 10 Marzo 2010**. Con Mención Honorífica.

2006-2008 Tutor de tesis de licenciatura de **Iraís Figueroa Palacios**, Facultad de Biología, Univ. Autónoma del Edo. de Morelos sobre “Evaluación experimental de marcadores moleculares optimizados en estudios sistemáticos y de genética de poblaciones de bacterias simbióticas del género *Bradyrhizobium*”. Su examen de Licenciatura (Tutorial Ampliado) tuvo lugar el 15 de Enero de 2008, recibiendo la máxima calificación. **Ceremonia de Protesta el 29 de Mayo de 2008. Fecha de Inicio Junio de 2006**. Con Mención Honorífica.

2002-2005 Codirector y supervisor del trabajo experimental de tesis de doctorado del M. en C. **Keilor Rojas Jiménez** (MsC) sobre "Molecular genetic and functional analysis of acid-sensitive and symbiotic mutants of *Rhizobium tropici* CIAT899" del programa de doctorado en Ciencias Naturales de la Facultad de Biología de la Universidad de Marburg, Alemania. Todo el trabajo experimental de esta tesis se desarrolló bajo mi supervisión en el Programa de Ecología Molecular y Microbiana del CCG-UNAM. **Recibido de doctor (Dr. Rer. Nat.) en Julio de 2005**.

2003-2004 Codirector de la tesis de licenciatura de la bióloga **Deyanira Pérez Morales** sobre: “El papel de los lipopolisacáridos en la resistencia a distintos factores de estrés en *Rhizobium tropici* CIAT899”. Facultad de Ciencias-UNAM. **Titulada en Junio de 2004**.

FINANCIAMIENTO DE PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN

- 2003-2006 Corresponsable proyecto DGAPA IN-205802 project sobre "Análisis de la expresión de plásmidos simbióticos de *Rhizobium tropici* en la interacción con plantas hospederas". CONACyT, Mexico.
- 2006 – 2007 **Investigador principal** del proyecto DGAPA IN201806-2 sobre “Integración de aproximaciones genómicas a estudios de sistemática molecular, microevolución y filogeografía de proteobacterias asociadas a plantas”
- 2006-2008 Corresponsable del donativo P48490242 solicitado junto con la Dra. Esperanza Martínez al CONACyT-DAIC en su convocatoria 2005-2, que lleva el título: Ecología evolutiva de micobacterias ambientales en el Río Apatlaco.
- 2008 – 2010 **Investigador principal** del proyecto CONACYT de investigación básica P1-60071 sobre “Análisis filogenético comparativo de la diversidad molecular de comunidades de rizobios y de sus genes simbióticos en parches de selva baja caducifolia con distinto grado de conservación en la Reserva de la Biosfera Sierra de Huautla, Mor. México”
- 2010-2012. **Investigador responsable** del proyecto DEGAPA/PAPIIT-UNAM, IN212010 “Diversidad y distribución ambiental de *Escherichia coli* y genes de virulencia indicadores de patotipos EPEC y ETEC en ríos de Morelos con niveles contrastantes de perturbación antropogénica: aproximaciones metagenómicas y dependientes de cultivo”.
- 2013-2015. **Investigador responsable** del proyecto SEP – CONACYT No. 179133, Modalidad: Profesor-Investigador, Convocatoria CB-2012-1 titulado: “Selección a escala genómica de marcadores moleculares óptimos para estudios de microbiología ambiental y su validación experimental”. Monto total otorgado: \$1,707,240 MN.
- 2014-2016. **Investigador responsable** del proyecto DEGAPA/PAPIIT-UNAM, IN211814, Convocatoria 2013 “Genómica comparativa de cepas de *Stenotrophomonas* spp. y *Ochrobactrum* spp. Multirresistentes recuperadas de ambientes contrastantes para entender la adaptación al nicho de patógenos oportunistas emergentes”.
- 2018-2020. **Investigador responsable** del proyecto DEGAPA/PAPIIT-UNAM, IN206318, Convocatoria 2013 “Predicción genómica y análisis funcional de determinantes de resistencia y virulencia en *Stenotrophomonas maltophilia*, un patógeno oportunista emergente”.

MEMBRESIA DE SOCIEDADES Y COMITES CIENTIFICOS

American Society for Microbiology

Mexican Society for Microbiology

Society of Systematic Biologists

Agrobacterium and *Rhizobium* subcommittee of the International Committee on Systematics of Prokaryotes