

Curriculum Vitae

Gonzalo GREIF CARÁMBULA

Actualizado: 17/02/2017



Publicado: 01/03/2017

Sistema Nacional de Investigadores

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas

Categorización actual: Iniciación

Ingreso al SNI: Candidato (01/06/2013)

Datos generales

Información de contacto

E-mail: gonzalo.greif@pasteur.edu.uy

Teléfono: 25220910 int 125

Dirección: Mataojo 2020. CP 11400. Montevideo, Uruguay.

Institución principal

Unidad de Biología Molecular / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo / Uruguay

Dirección institucional

Dirección: Institut Pasteur de Montevideo / Mataojo 2020 / 11400 / Montevideo / Montevideo / Uruguay

Teléfono: (+2) 25220910

Fax: 25220910

E-mail/Web: ggreif@pasteur.edu.uy / www.pasteur.edu.uy

Formación

Formación concluida

Formación académica/Titulación

Posgrado

2010 - 2015

Doctorado

Doctorado en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República, Uruguay

Título: Estudios de expresión génica en tripanosomatidos usando secuenciación masiva (NGS).

Tutor/es: Carlos Robello y Fernando Alvarez-Valín

Obtención del título: 2015

Palabras clave: trypanosoma; Next Generation Sequencing.

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

2002 - 2008

Maestría

Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República, Uruguay

Título: Respuesta adaptativa de Trypanosoma cruzi: Cambios en la expresión génica y rol del sistema proteasoma-ubiquitina.

Tutor/es: Carlos Robello/Ricardo Ehrlich

Obtención del título: 2008

Palabras clave: trypanosoma cruzi, UPS

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Grado

1995 - 2000
Grado
Licenciatura en Ciencias Biológicas
Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay
Título: Mejoramiento de la Expresión de Proteínas Heterólogas en Escherichia coli: Incidencia de la expresión de β -lactamasa en la Traslocación de Proteínas al Periplasma
Tutor/es: Mónica Marín
Obtención del título: 2000
Palabras clave: Proteínas Recombinantes, clonación
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Formación complementaria

Cursos corta duración

03 / 2012 - 03 / 2012
Manejo, técnicas de administración de sustancias y obtención de muestras en ratones
Institut Pasteur de Montevideo, Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Palabras clave: bioterio, experimentación animal
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

11 / 2011 - 11 / 2011
Sequencing on the GAllx
Institut Pasteur de Montevideo, Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Palabras clave: Secuenciación masiva
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Secuenciación masiva

11 / 2010 - 11 / 2010
NextGenerationSequencing(NGS) data analysis
Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay
Palabras clave: Next Generation Sequencing
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformatica

10 / 2010 - 11 / 2010
Temas en Diseño y Análisis de Experimentos con Microarrays
Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay
Palabras clave: Microarrays
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformatica

09 / 2010 - 10 / 2010
Computational Methods for Next-generation Sequencing Data and Transcriptomics
Institut Pasteur de Montevideo, Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Palabras clave: Next Generation Sequencing
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformatica

2005 - 2005
Bioinformática aplicada a Genómica y Proteómica
Universidad Católica de Córdoba , Argentina
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Bioinformática

2004 - 2004
Curso Básico de Cultivos de Células (PEDECIBA)
MEC. Instituto de Investigaciones Biológicas «Clemente Estable», Ministerio de Educación y Cultura , Uruguay
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología / Cultivo Celular

2003 - 2003
Medical genetics for developing countries
THE INTERNATIONAL CENTRE FOR GENETIC ENGINEERING AND BIOTECHNOLOGY , Italia
Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana

2003 - 2003
Temas de Biología Molecular (PEDECIBA)
Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay
Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Interacciones Moleculares

2003 - 2003	Genética molecular y medicina (PEDECIBA) Facultad de Medicina - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Medicina Molecular
2002 - 2002	Estudios genómicos, postgenómicos y sus aplicaciones en biología humana (PEDECIBA) Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana
2002 - 2002	Introducción al estudio de Microarreglos de ADN Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarreglos de ADN
2002 - 2002	Sistemas de expresión en células eucariotas utilizando vectores virales (PEDECIBA) Facultad de Ciencias - UDeLaR, Universidad de la República , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

Otras instancias

2003	Seminarios <i>Nombre del evento:</i> Semana Hematologica <i>Institución organizadora:</i> Hospital Maciel , Uruguay
2003	Seminarios <i>Nombre del evento:</i> Propiedad Industrial para la pequeña y mediana empresa <i>Institución organizadora:</i> OMPI , Uruguay
2011	Congresos <i>Nombre del evento:</i> 7as JORNADAS DE BIOQUIMICA Y BIOLOGIA MOLECULAR <i>Institución organizadora:</i> SBBM , Uruguay <i>Palabras clave:</i> Trypanosoma vivax, secuenciación masiva <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Trypanosoma vivax
2010	Congresos <i>Nombre del evento:</i> Congreso Interno Institut Pasteur de Montevideo <i>Institución organizadora:</i> Institut PASTEUR Montevideo , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
2010	Congresos <i>Nombre del evento:</i> XIII Jornadas de la SUB <i>Institución organizadora:</i> Sociedad Uruguaya de Biociencias , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
2009	Congresos <i>Nombre del evento:</i> Foro de Innovación de las Américas <i>Institución organizadora:</i> ANII , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías
2009	Congresos <i>Nombre del evento:</i> IV Reunion Sociedad Lationamericana de Tuberculosis y otras Micobacteriosis <i>Institución organizadora:</i> SLAMTB , Argentina <i>Palabras clave:</i> tuberculosis <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular
2008	Congresos <i>Nombre del evento:</i> Foro de Innovación de las Américas <i>Institución organizadora:</i> ANII , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras

2006	Ingenierías y Tecnologías Congresos <i>Nombre del evento:</i> XI Congreso Uruguayo de Patología Clínica <i>Institución organizadora:</i> SUPAC , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
2005	Congresos <i>Nombre del evento:</i> X Congreso de la Panamerican Association for Biochemistry and Molecular Biology (PABMB). <i>Institución organizadora:</i> PABMB , Argentina
2004	Congresos <i>Nombre del evento:</i> II Jornadas de Bioempresarios en Sudamérica <i>Institución organizadora:</i> Amsud Pasteur , Uruguay
2004	Congresos <i>Nombre del evento:</i> II Jornadas de Bioempresarios en Sudamérica <i>Institución organizadora:</i> AMSUD , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
2004	Congresos <i>Nombre del evento:</i> 3as Jornadas de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular <i>Institución organizadora:</i> SBBM , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
2004	Congresos <i>Nombre del evento:</i> 3as Jornadas de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular. Montevideo, Uruguay <i>Institución organizadora:</i> SBBM , Uruguay
2003	Congresos <i>Nombre del evento:</i> 2das Jornadas de la Sociedad de Bioquímica y Biología molecular <i>Institución organizadora:</i> SBBM , Uruguay <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
2011	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Taller sobre la estandarización y validación analítica de la qPCR para cuantificar la carga de ADN de Trypanosoma cruzi en sangre periférica de pacientes con enfermedad de Chagas <i>Institución organizadora:</i> Oranización Panamericana de la Salud/INGEBI-CONICET , Argentina <i>Palabras clave:</i> Trypanosoma cruzi, diagnóstico, qPCR <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
2008	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Manejo de Equipo de Microarreglos de ADN (Scanner) <i>Institución organizadora:</i> AGilent Technologies , Estados Unidos <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarreglos de ADN
2008	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Los desafíos del líder <i>Institución organizadora:</i> Celsius-ATGen , Uruguay
2005	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Manejo de equipo en pcr en tiempo real: Rotor Gene (cobett Research) <i>Institución organizadora:</i> Corbett Research , Australia <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / PCR en tiempo real
2005	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Manejo de equipo de PCR en tiempo real (Roche, Applied y Corbett) <i>Institución organizadora:</i> Artus GmbH , Alemania <i>Areas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / PCR en tiempo real

2005	Talleres <i>Nombre del evento:</i> Capacitación en GXP <i>Institución organizadora:</i> Infodynamics / ATGen , Uruguay
2011	Encuentros <i>Nombre del evento:</i> 3er Annual meeting United States - Latin American Cancer Research Network <i>Institución organizadora:</i> NCI (USA) , México <i>Palabras clave:</i> Cáncer, Microarrays <i>Áreas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Cáncer, Microarrays
2007	Encuentros <i>Nombre del evento:</i> Avaliação pós-genômica da expressao génica em parasitas <i>Institución organizadora:</i> IBMP , Brasil
2011	Otros <i>Nombre del evento:</i> Sequencing on the GAIIx <i>Institución organizadora:</i> Illumina , Uruguay <i>Palabras clave:</i> NGS, Illumina <i>Áreas del conocimiento:</i> Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Secuenciación masiva
2007	Otros <i>Nombre del evento:</i> Pasantía en el Instituto de Biología Molecular de Parana (IBMP), Curitiba, brasil <i>Institución organizadora:</i> IBMP , Brasil <i>Áreas del conocimiento:</i> Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Tecnologías que involucran la identificación de ADN, proteínas y enzimas

Construcción institucional

Idiomas

Francés

Entiende (Muy Bien) / Habla (Bien) / Lee (Bien) / Escribe (Bien)

Inglés

Entiende (Muy Bien) / Habla (Bien) / Lee (Bien) / Escribe (Regular)

Portugués

Entiende (Bien) / Habla (Regular) / Lee (Regular)

Áreas de actuación

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular

Actuación Profesional

Cargos desempeñados actualmente

Desde: 10/2006

Técnico especializado , (40 horas semanales / Dedicación total) , Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Empresa Privada , ATGen SRL , Uruguay

Vínculos con la institución

04/2001 - 11/2009, *Vínculo:* , (60 horas semanales)

Actividades

04/2001 - 11/2009

Líneas de Investigación , ATGen , I+D

desarrollo de kits de diagnóstico de enfermedades genéticas en humanos , Integrante del Equipo

07/2003 - 07/2003

Docencia , Perfeccionamiento

PCR: una nueva herramienta en el diagnóstico

05/2002 - 06/2007

Extensión , ATGen , I+D

Responsable del CTAG (Centro Técnico de Análisis Genéticos)

10/2007 - 11/2007

Capacitación/Entrenamientos dictados , ATGen , I+D

Capacitación en Diagnóstico clínico basado en técnicas de amplificación de ácidos nucleicos

03/2007 - 08/2008

Proyectos de Investigación y Desarrollo

Productos de diagnóstico, cuantificación y análisis de ácidos nucleicos por PCR en Tiempo Real , Integrante del Equipo

06/2002 - 03/2005

Proyectos de Investigación y Desarrollo

Desarrollo de productos biotecnológicos para detección precoz de enfermedades humanas , Integrante del Equipo

Institut Pasteur de Montevideo , Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Vínculos con la institución

10/2006 - Actual, Vínculo: Técnico especializado, (40 horas semanales / Dedicación total)

Actividades

01/2011 - 07/2011

Dirección y Administración

Consejero del Instituto PAsteur

08/2009 - Actual

Líneas de Investigación , Institut PAsteur de Montevideo , Unidad de Biología Molecular

Estudios de expresión génica en tripanosomatidos usando secuenciación masiva , Integrante del Equipo

04/2007 - Actual

Líneas de Investigación , IPMON , Biología Molecular

Epidemiología Molecular Tuberculosis , Integrante del Equipo

03/2005 - 04/2008

Líneas de Investigación , IPMON , Biología Molecular

Estrés oxidativo de Trypanosoma cruzi , Integrante del Equipo

11/2014 - 11/2014

Docencia , Doctorado

Functional Genomics in biomedicine: 3rd Edition. Host-Pathogen interaction. , Organizador/Coordinador

11/2012 - 11/2012

Docencia , Doctorado

Biología Molecular de Tripanosomatidos , Organizador/Coordinador

07/2012 - 08/2012

Docencia , Doctorado

'Generation of libraries for next generation sequencing' , Organizador/Coordinador

11/2011 - 12/2011

Docencia , Doctorado

Functional genomics in biomedicine (2nd edition) , PEDECIBA

03/2009 - 04/2009

Docencia , Doctorado

Functional Genomics in Biomedicine

10/2014 - 10/2014

Pasantías

Responsable de pasantía de Nelson Varela (Profesor Asistente Departamento de Tecnología Médica Facultad de Medicina Universidad de Chile) en el mes de octubre de 2014. Experimentos de Microarrays y Análisis de Datos.

03/2014 - 03/2014

Pasantías

Responsable de pasantía de Laura Tasso (Instituto y el Laboratorio de Biología Molecular de la Enfermedad de Chagas del INGEBI-CONICET). Análisis de datos de microarrays

10/2014 - 10/2014

Capacitación/Entrenamientos dictados

Entrenamiento interno en el manejo del equipo de secuenciado masivo MiSeq Illumina

06/2011 - 06/2011

Capacitación/Entrenamientos dictados

United States-Latin America Cancer Research Network Microarray Training Workshop

10/2014 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo

Alternativas tecnológicas de alto impacto para el diagnóstico temprano y vigilancia de tuberculosis bovina , Integrante del Equipo

03/2012 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo

SECUENCIACIÓN MASIVA DE ESTIRPES DEL VIRUS INFLUENZA A: SU IMPACTO EN LA FORMULACIÓN DE VACUNAS, RESISTENCIA ANTI-VIRAL, VIRUS EMERGENTES Y MEDIDAS DE SALUD PÚBLICA. , Integrante del Equipo

03/2012 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo

Genómica evolutiva y funcional en tripanosomas africanos: origen de la variación antigénica , Integrante del Equipo

03/2011 - Actual

Proyectos de Investigación y Desarrollo

US-LACRN Perfil Molecular de Cáncer de Mama (MPBC) , Integrante del Equipo

03/2007 - 03/2010

Proyectos de Investigación y Desarrollo

Trypanosoma vivax : un modelo para comprender el origen de la variación antigénica en tripanosomas , Integrante del Equipo

Universidad Católica del Uruguay Dámaso Antonio Larrañaga , UCUDAL - Facultad de Ingeniería y Tecnologías , Uruguay

[Vínculos con la institución](#)

11/2004 - 07/2008, *Vínculo:* Docente, (1 horas semanales)

Actividades

03/2005 - 11/2007

Docencia , Grado

Introducción a la Bioinformática

Universidad de la República , Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay

[Vínculos con la institución](#)

01/2004 - 12/2006, *Vínculo:* Ayudante Grado 1 Sección Bioquímica, Docente Grado 1 Interino, (20 horas semanales)

Actividades

01/2004 - 12/2006

Líneas de Investigación , Facultad de Ciencias , Sección Bioquímica

Estudio de Degradación de Proteínas por el Sistema Proteasoma Ubiquitina , Integrante del Equipo

01/2004 - 12/2006

Docencia , Grado

Bioquímica General , Licenciatura en Ciencias Biológicas

01/2004 - 12/2006

Docencia , Grado

Biología Molecular , Licenciatura en Ciencias Biológicas

01/2004 - 12/2006

Docencia , Grado

Bioquímica I , Licenciatura en Bioquímica

01/2004 - 12/2006

Docencia , Grado

Genética Molecular , Licenciatura en Bioquímica

03/2006 - 03/2006

Docencia , Maestría

Análisis de la expresión génica durante el desarrollo de platelmintos , Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

Sistema Nacional de Investigadores

11/2005 - 11/2005

Docencia , Maestría

Técnicas moleculares y radioisotópicas aplicadas al diagnóstico de patologías humanas , Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

10/2005 - 10/2005

Docencia , Maestría

Control de Calidad de proteínas: Plegamiento o Degradación , Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA)

01/2004 - 12/2006

Extensión , Facultad de Ciencias , Claustro

Participación del Claustro por Orden de Egresados

Administración Nacional de Educación Pública , Centro Regional de Profesores , Uruguay

Vínculos con la institución

10/2004 - 03/2005, *Vínculo:* Docente , (20 horas semanales)

Actividades

10/2004 - 03/2005

Docencia , Técnico nivel superior

Bioquímica, Biología Celular y Genética.

12/2004 - 12/2004

Sistema Nacional de Investigadores

Extensión , CERP , Bioquímica y Biología Molecular

Charlas a alumnos de Liceo de Flores

Lineas de investigación

Título: desarrollo de kits de diagnóstico de enfermedades genéticas en humanos

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: Desde la creación de la empresa, el área de I+D viene desarrollando kits de diagnóstico de enfermedades de origen genético basados en la PCR. En los dos últimos años se comenzó una nueva etapa en la empresa, con la incorporación de la tecnología de PCR en tiempo real (adquiriendo el primer equipo de PCR en tiempo real en el país). ATGen cuenta en la actualidad con más de 12 productos comercializados a nivel nacional e internacional.

Palabras clave: Kits

Áreas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Tecnologías que involucran la identificación de ADN, proteínas y enzimas / PCR, Real Time PCR

Título: Epidemiología Molecular Tuberculosis

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: A mediados del año 2007, la CHLA y el Insitut Pasteur de Montevideo firmaron un convenio de cooperación, buscando la convergencia de ambas instituciones en un proyecto conjunto para profundizar el conocimiento de las cepas circulantes en el país, así como generar herramientas pronósticas más rápidas y de fácil implementación.

Palabras clave: tuberculosis; epidemiología molecular

Áreas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Biología Molecular
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular
Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Enfermedades Infecciosas / Biología Molecular

Título: Estrés oxidativo de Trypanosoma cruzi

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: El trabajo en esta línea de investigación dió lugar a la siguiente tesis de maestría PEDECIBA en el área Biología Molecular y Celular: Respuesta adaptativa de Trypanosoma cruzi: Cambios en la expresión génica y rol del sistema proteasoma-ubiquitina. Orientador: Dr. Carlos Robello, Co-Orientador: Dr. Ricardo Ehrlich. 2008.

Palabras clave: trypanosoma cruzi; estrés oxidativo; UPS

Áreas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Parasitología / Biología Molecular

Título: Estudio de Degradación de Proteínas por el Sistema Proteasoma Ubiquitina

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: Esta línea de investigación se llevó adelante utilizando como modelo Trypanosoma cruzi y su vínculo con el estrés oxidativo. Dió lugar a una tesis de maestría defendida en abril de 2008.

Palabras clave: ubiquitina; trypanosoma; estrés oxidativo

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular

Título: Estudios de expresión génica en tripanosomatidos usando secuenciación masiva

Tipo de participación: Integrante del Equipo

Objetivo: Como parte de mi proyecto de Doctorado, a fines del año 2009, comenzamos el estudio de expresión génica en tripanosomatidos utilizando la tecnología de secuenciación masiva. Particularmente, comenzamos nuestro trabajo, con la secuenciación mediante la tecnología de Roche 454, de el transcriptoma de un trypanosoma africano (T.vivax). El trabajo fue publicado a fines de 2013/comienzos de 2014.

Equipos: Robello, C.(Integrante); Alvarez Valin, F.(Integrante)

Palabras clave: Transcriptómica, Trypanosoma vivax

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular

Proyectos

2014 - Actual

Título: Alternativas tecnológicas de alto impacto para el diagnóstico temprano y vigilancia de tuberculosis bovina, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo, *Descripción:* El diagnóstico de la TBb se realiza a través de la prueba de tuberculina, tes mediante el cual se mide la reacción de hipersensibilidad retardada al PPD bovis (Derivado proteico purificado) de M.bovis. Esta prueba presenta una sensibilidad del 77 al 95 % y una especificidad del 90%, implicando que más del 10% de los animales no son detectados. Las desventajas de esta prueba son el error en la interpretación por parte del operador, la reacción cruzada con micobacterias ambientales, la anergia hasta en un 20% de los casos por infecciones recientes, severas o generalizadas, manejo excesivo de los animales y el requerimiento de un intervalo mínimo de 60 días entre las prueba. La utilización de otras pruebas de diagnóstico, fundamentalmente in vitro, detectando tanto inmunidad celular como humoral a fin de completar la detección de animales enfermos de los establecimientos, permitirá tanto conocer mejor el impacto de la misma en los rodeos como la eliminación de animales positivos, no quedando en el predio animales falsos negativos que continuaran difundiendo la enfermedad. El desarrollo de pruebas moleculares de diagnóstico, permira contar con un test, aunque significativamente más costoso, pero más sensible y específico. La comparación de las diferentes pruebas resultará fundamental a fin de poder establecer la estrategia diagnóstica más eficiente y aplicable a cada situación epidemiológica. La tipificación molecular de las cepas aisladas es una herramienta para poder realizar estudios epidemiológicos de diferentes cepas y su variabilidad, así como también determinar cuántos tipos de cepas son las causantes de los casos de Tuberculosis . La genotipificación permite también la comparación de familias de M. bovis en las bases de datos internacionales existentes. Los métodos de genotipado son variados y se diferencian en su poder de discriminación y en el marcador genético utilizado.

Tipo: Investigación

Alumnos:

Equipo: Carlos Robello(Integrante); Hugo NAYA(Integrante); Alvaro Nuñez(Responsable); Andres Gil(Integrante); Alejandra Suanes(Integrante); Nora Negrin(Integrante); Miguel Castro(Integrante); Alfredo Garin(Integrante); Jose Piaggio(Integrante); Maria Cristina Easton (Integrante)

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

2012 - Actual

Título: Genómica evolutiva y funcional en tripanosomas africanos: origen de la variación antigénica, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo, *Descripción:* La tripanosomiasis Africana aqueja a unos 5 millones de personas del África subsahariana (enfermedad del sueño). También afecta la ganadería, teniendo un fuerte impacto económico en diversos países. En Sudamérica dos especies de tripanosomas africanos (*T. vivax*, *T. evansi*) fueron introducidos alrededor de 1850, afectando hoy zonas tropicales y templadas de nuestro continente. Estos tripanosomas se caracterizan por presentar una densa cubierta celular compuesta por 10^7 moléculas de glicoproteínas variables de superficie (VSGs). Estas glicoproteínas son la base de la variación antigénica que permite a estos parásitos evadir la respuesta inmune del mamífero. Lo logran cambiando periódicamente el gen VSG que es expresado a partir de un repertorio de 1500 genes VSG diferentes. Este proyecto tiene dos objetivos fundamentales: caracterizar la organización genómica de los genes VSG en *T. vivax*, tanto del Sitio de Expresión como del repertorio de genes silenciosos y obtener la secuencia genómica completa (y su anotación) de la variante sudamericana de *T. vivax*. Procuraremos dichos objetivos utilizando secuenciación profunda y diversas aproximaciones Bioinformáticas. Elegimos *T. vivax* como modelo pues análisis de filogenia molecular indican que ocupa una posición evolutiva clave, es descendiente directo del ancestro común de los tripanosomas africanos, por tanto su estudio contribuirá a elucidar el origen de uno de los mecanismos de evasión inmune más fascinantes de la naturaleza. La reciente disponibilización del genoma de una variante Africana de *T. vivax*, junto a nuestros resultados, permitirá realizar estudios de genómica comparativa, que contribuirán a entender el patrón y dinámica de diversificación de los genes VSGs.

Tipo: Investigación

Alumnos: 1(Maestría/Magister), 1(Doctorado)

Equipo: Carlos Robello(Integrante); Matías Rodríguez(Integrante); Fernando Alvarez-Valín(Responsable)

Financiadores: Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero

Palabras clave: trypanosoma, variación antigénica

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Trypanosoma

2012 - Actual

Título: SECUENCIACIÓN MASIVA DE ESTIRPES DEL VIRUS INFLUENZA A: SU IMPACTO EN LA FORMULACIÓN DE VACUNAS, RESISTENCIA ANTI-VIRAL, VIRUS EMERGENTES Y MEDIDAS DE SALUD PÚBLICA., *Tipo de participación:* Integrante del Equipo, *Descripción:* Un número muy importante de virus de enorme importancia médica, incluido Virus Influenza A (VIA), poseen un genoma constituido por ARN. Estos virus replican a una tasa de mutación extremadamente alta y exhiben una significativa diversidad genética. Esta diversidad permite a la población viral emerger y adaptarse rápidamente a nuevos ambientes y huéspedes, así como evolucionar hacia la resistencia a vacunas y drogas antivirales. Por los últimos 30 años, la teoría de las cuasiespecies ha proveído el marco teórico para comprender la evolución de virus ARN. Una cuasiespecie es una nube de mutantes compuesta por diversas variantes que están fuertemente relacionadas genéticamente, interactúan cooperativamente a nivel funcional y colectivamente contribuyen a las características de la población. El estudio de las cuasiespecies virales y su evolución tiene profundas implicancias para nuestra comprensión de la enfermedad viral. Por primera vez, las últimas tecnologías de secuenciación masiva nos proveen de una invaluable oportunidad de obtener y estudiar una detallada caracterización de cuasiespecies virales, que no era posible lograr sin el uso de estas tecnologías. La aplicación de las mismas al estudio de cuasiespecies de VIA pandémicos, en nuestro país y en la región, permitirá contribuir al mejoramiento de las vacunas recomendadas para el hemisferio sur, la caracterización de resistencia a los actuales o nuevos antivirales contra VIA, así como contribuir a una detallada epidemiología molecular y el desarrollo de medidas de salud pública eficaces y apropiadas en una emergencia de VIA. El virus Influenza A (VIA) pertenece a la familia Orthomyxoviridae. VIA infecta a muchas especies, incluidos los seres humanos, otros mamíferos y las aves silvestres y domésticas. La mayor parte de la morbi-mortalidad causada por los VIA puede ser evitada por la vacunación anual. Sin embargo, dicha medida no está asociada con una completa protección, en parte debido a la continua evolución de la estructura antigénica del virus. La frecuente generación de nuevas variantes antigénicas de VIA ha determinado que la vigilancia de VIA sea un objetivo de salud pública prioritario a escala mundial. Comprender el grado de variabilidad genética y antigénica de VIA, así como una detallada caracterización genética y antigénica de las estirpes de VIA que circulan en nuestro país y en la región sudamericana, es esencial para la planificación de una respuesta efectiva para el control de esta enfermedad, así como para el diseño de nuevas vacunas apropiadas y efectivas para el hemisferio sur contra este importante patógeno. Por lo que antecede, el objetivo general del presente proyecto es utilizar técnicas de secuenciación masiva a efectos de establecer el grado de variabilidad genética y antigénica, así como su modo de evolución, de poblaciones de cuasiespecies de VIA que circulan en Uruguay y en la región, en especial de virus pandémicos, establecer las relaciones genéticas y antigénicas entre las estirpes de estas poblaciones y las estirpes vacunales, así como detectar marcadores de resistencia a los actuales o nuevos agentes anti-virales contra VIA.

Tipo: Investigación

Alumnos:

Equipo: Carlos Robello(Integrante); Gonzalo Moratorio(Integrante); Pilar Moreno(Integrante); Juan Cristina(Responsable)

Financiadores: Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero

Palabras clave: Influenza, secuenciado masivo

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

2011 - Actual

Título: US-LACRN Perfil Molecular de Cáncer de Mama (MPBC) , *Tipo de participación:* Integrante del Equipo, *Descripción:* Participación en el proyecto multicéntrico US-LACRN: Perfil Molecular de Cáncer de Mama en mujeres Lationamericanas. Países participantes: México, Argentina, Brasil, Chile, Uruguay y Estados Unidos.

Tipo: Investigación

Alumnos:

Financiadores: Nacional Institute for Health / Apoyo financiero

Palabras clave: Cancer de mama, Lationamerica, microarrays

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Cancer

2002 - 2005

Título: Desarrollo de productos biotecnológicos para detección precoz de enfermedades humanas, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo,

Tipo: Desarrollo

Alumnos:

Equipo: Carlos Sanguinetti(Responsable); Paula Tucci(Integrante)

Financiadores: DINACYT/DICYT/CONICYT / Apoyo financiero

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Tecnologías que involucran la identificación de ADN, proteínas y enzimas

2007 - 2008

Título: Productos de diagnóstico, cuantificación y análisis de ácidos nucleicos por PCR en Tiempo Real, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo,

Tipo: Desarrollo

Alumnos:

Equipo: Carlos Sanguinetti(Responsable); German Cota(Integrante); Jorge de Los Santos(Integrante)

Financiadores: DINACYT/DICYT/CONICYT / Apoyo financiero

Palabras clave: PCR Real Time

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Tecnologías que involucran la identificación de ADN, proteínas y enzimas

2007 - 2010

Título: Trypanosoma vivax : un modelo para comprender el origen de la variación antigénica en tripanosomas, *Tipo de participación:* Integrante del Equipo, *Descripción:* La tripanosomiasis Africana (enfermedad del sueño) aflige a unos 5 millones de personas y tiene un fuerte impacto sanitario y/o económico en los países afectados pues también perjudica la ganadería (variante llamada Nagana). Los tripanosomas africanos presentan una cubierta celular que contiene 107 moléculas de glicoproteínas variables de superficie (VSGs). Estas glicoproteínas son la base de la variación antigénica la cual permite a estos parásitos evadir la respuesta inmune de mamíferos. Lo logran cambiando en forma secuencial el gen VSG que es expresado, a partir de un repertorio de 1000 genes diferentes. Un aspecto remarcable es que las distintas proteínas VSG presentan identidades aminoacídicas inferiores al 20%. Tan baja identidad dificulta la identificación de nuevos genes Institución Monto aprobado Fecha desde Fecha hasta Responsable VSG usando los métodos tradicionales basados en homología. Proponemos identificar el repertorio de genes VSG en Trypanosoma vivax (introducido en Sudamérica a mediados del siglo XIX y se expandió rápidamente), desarrollando aplicaciones bioinformáticas basadas en métodos conocidos como ?machine learning?. Estos métodos usan un ?set de entrenamiento? consistente en un grupo de secuencias conocidas a partir del cual extraen ?propiedades estadísticas? que permiten clasificar nuevas secuencias que no sabemos a que categoría pertenecen. Este proyecto tiene como objetivo central la construcción de dicho set de entrenamiento en T.vivax usando VSGs aisladas partir de ARNm. Estudios filogenéticos ubican a T.vivax como descendiente directo del ancestro de los tripanosomas africanos, por lo que la identificación y análisis de sus genes VSG ayudará a elucidar el origen de uno de los mecanismos de evasión inmune más eficientes.

Tipo: Investigación

Alumnos:

Equipo: Carlos Robello(Responsable); Fernando Alvarez-Valín(Integrante)

Financiadores: Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero

Palabras clave: Trypanosoma vivax, transcriptómica

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Trypanosoma, Secuenciación masiva

Producción científica/tecnológica

Desde mi formación de grado y posgrado he trabajado en el área de la Biología Molecular aplicada en las Ciencias de la Salud enfocado principalmente en el área del desarrollo, con aportes en el área básica. En el año 2001 formamos, junto con tres investigadores de la Facultad de Ciencias la empresa ATGen Sistemas Moleculares. Debido al éxito de esta iniciativa biotecnológica, la empresa se incorporó al grupo Celsius en el año 2005. En dicha empresa continúe trabajando hasta fines de 2009, desempeñándome como responsable de la división de Investigación y Desarrollo. Como

parte de la empresa, participé activamente en la formulación de proyectos financiados y tuve una participación activa en el proceso de certificación ISO 9001:2000 y GMP, obteniendo un perfil diferencial en mi formación. En el área de investigación enfocada al desarrollo, profundicé mi formación al incorporarme en Octubre de 2006 a la Unidad de Biología Molecular (UBM) del Institut Pasteur de Montevideo, donde participé en la instalación, manejo e integración de tecnologías de alto impacto en las ciencias de la salud (Secuenciador automático, PCR en tiempo real, Microarreglos, Secuenciador masivo). Respecto a la investigación básica, abordé el estudio de la respuesta del parásito Trypanosoma cruzi al estrés oxidativo mediado por peróxido de hidrógeno. Estos estudios dieron lugar a la tesis de Maestría: ' Respuesta adaptativa de Trypanosoma cruzi: Cambios en la expresión génica y rol del sistema proteasoma-ubiquitina' realizada bajo la orientación del Dr. Robello y del Dr. Ehrlich, obteniendo el título de Magíster en Ciencias Biológicas. En 2007, a través de un Convenio con la Comisión Honoraria de Lucha AntiTuberculosis y el IPM, trabajamos generando herramientas de utilidad en el diagnóstico y pronóstico de la tuberculosis a nivel molecular y por otra parte realizar un aporte a nivel de la epidemiología molecular. En este contexto se han publicado varios artículos en revistas arbitradas nacionales e internacionales. A comienzos de 2010, realice la inscripción formal al Doctorado Pedeciba, bajo la orientación de los Doctores Carlos Robello y F. Alvarez Valin. El trabajo de tesis de doctorado finalizó en octubre de 2015, y su título es: 'Genómica funcional y evolutiva de tripanosomas africanos: el modelo Trypanosoma vivax'. En esta tesis se abordó, el estudio de la expresión génica en tripanosomátidos -centrandonos particularmente en el Trypanosoma vivax, una zoonosis emergente en la región-. En 2013 fue aceptado y publicado un artículo con parte de este trabajo del cual soy primer autor. A principios de 2015, también como primer autor, publicamos un nuevo artículo sobre la adaptación de este parástio africano a nuestro continente. Este artículo ha sido recomendado en Faculty of 1000. En 2016 ingreso como investigador Pedeciba.

Producción bibliográfica

Artículos publicados

Arbitrados

Completo

FARAL-TELLO, P.; SATRAGNO, D.; CANNEVA, B.; VERGER, L.; LOZANO, A.; VITALE, E.; GREIF, G.; SOTO, C.; ROBELLO, C.; BASMADJIÁN, Y.

Autochthonous Outbreak and Expansion of Canine Visceral Leishmaniasis, Uruguay . Emerging Infectious Diseases, v.: 23 3, 2017

Palabras clave: Leishmania, Epidemiology, Molecular Biology

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 10806040 ; DOI: 10.3201/eid2303.160377

https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/23/3/16-0377_article

Disponible online: https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/23/3/16-0377_article



SCOPUS



Completo

CONSTANTINI, M.; GREIF, G.; ALVAREZ-VALIN, F.; BERNARDI, G.

The Anolis Lizard Genome: An Amniote Genome without Isochores? . Genome Biology and Evolution, 2016

Palabras clave: Anolis, isochores, genome evolution

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 17596653 ; DOI: 10.1093/gbe/evw056

<http://gbe.oxfordjournals.org/content/early/2016/03/17/gbe.ev056.long>



SCOPUS



Completo

SPANGENBERG, L.; GRAÑA, M.; GREIF, G.; SUAREZ-RIVERO JM; KRYSZTAL K; TAPIÉ A; BOIDI, M; FRAGA, V; LEMES, A; GUEÇAIMBURÚ, R; CERISOLA, A; SÁNCHEZ-ALCÁZAR, JA; ROBELLO, C.; RAGGIO, V.; NAYA, H.

3697G>A in MT-ND1 is a causative mutation in mitochondrial disease.. Mitochondrion, 2016

Palabras clave: Clinical genomics

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

ISSN: 15677249 ; DOI: 10.1016/j.mito.2016.03.006

Abstract Mitochondrial diseases are a group of clinically heterogeneous disorders that can be difficult to diagnose. We report a two and a half year old girl with clinical symptoms compatible with Leigh disease but with no definitive diagnosis. Using next generation sequencing we found that mutation 3697G>A was responsible for the patient's clinical symptoms. Corroboration was performed via segregation analysis in mother and sister and by evolutionary analysis that showed that the mutation is located in a highly conserved region across a wide range of species. Functional analyses corroborated the mutation effect and indicated that the pathophysiological alterations were partially restored by Coenzyme Q10. In addition, we proposed that the presence of the mutation at high frequencies causes the phenotype in the patient, while other family members with intermediate levels of heteroplasmy are symptoms-free.



SCOPUS



Completo

SPANGENBERG, L.; IRAOLA, G.; LOPES BASTOS, B.; GRAÑA, M.; VASCONCELOS, L.; ALMEIDA, A.; GREIF, G.; ROBELLO, C.; RISTOW, P.; NAYA, H.

Transcriptome sequencing reveals wide expression reprogramming of basal and unknown genes in *Leptospira biflexa* biofilms. mSphere, 2016

Palabras clave: Leptospira, biofilms, transcriptomics

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

ISSN: 23795042 ; DOI: 10.1128/mSphere.00042-16

In this work we describe the first transcriptome based on RNA-seq technology focused on studying transcriptional changes associated to biofilm growth in a member of the genus *Leptospira*. As many pathogenic species of this genus can survive inside the host but also persist in environmental water mostly forming biofilms, identifying the molecular basis of this capacity can impact on the understanding of how leptospires are able to fulfill a complete life cycle that alternates between adaptation to host and hostile external environmental conditions. We identified several genes and regulatory networks that can be the kick-off for deepen in the molecular mechanisms involving bacterial persistence via biofilm formation; understanding this is important for the future development of tools for controlling leptospirosis.



Completo

LLERA, A.S; PODHAJECER, O.; BREITENBACH, M. M. ; SANTINI, L. ; MULLER, B.; DANERI-NAVARRO, A.; VELÁZQUEZ, C.A.; ARTAGAVEYTIA, N.; GOMEZ, J.; FRECH, M.S.; GREIF, G.; BROWN, T.; GROSS, T.

Translational cancer research comes of age in Latin America. Science Translational Medicine, v.: 7 319, 2016

Palabras clave: cancer, biología molecular, latinoamerica

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 19466234 ; DOI: 10.1126/scitranslmed.aad5859

<http://stm.sciencemag.org/content/7/319/319fs50.short>

Al tratarse de un artículo presentado en el marco de un proyecto multicéntrico la lista completa de autores puede descargarse desde aquí: <http://stm.sciencemag.org/content/suppl/2015/12/22/7.319.319fs50.DC1> Incluí como co-autores, los colaboradores de la red referentes de cada país.



SCOPUS



Completo

GREIF, G.; RODRIGUEZ, M.; REYNA-BELLO, A.; ROBELLO, C.; ALVAREZ-VALIN, F.

Kinetoplast adaptations in American strains from *Trypanosoma vivax*. Mutation Research - Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis, v.: 773, p.: 69 - 82, 2015

Palabras clave: trypanosoma, kinetoplastid, evolución, genómica

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 13861964 ; DOI: 10.1016/j.mrfmmm.2015.01.008

http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleListURL&_method=list&_ArticleListID=-729918789&_sort=r&_st=13&view=c&md5=06dca4ec5c5fefce9ee65db26dd2e1c6&searchtype=a

Recomendado en Faculty of 1000. ABSTRACT The mitochondrion role changes during the digenetic life cycle of African trypanosomes. Owing to the low abundance of glucose in the insect vector (tsetse flies) the parasites are dependent upon a fully functional mitochondrion, capable of performing oxidative phosphorylation. Nevertheless, inside the mammalian host (bloodstream forms), which is rich in nutrients, parasite proliferation relies on glycolysis, and the mitochondrion is partially redundant. In this work we perform a comparative study of the mitochondrial genome (kinetoplast) in different strains of *Trypanosoma vivax*. The comparison was conducted between a West African strain that goes through a complete life cycle and two American strains that are mechanically transmitted (by different vectors) and remain as bloodstream forms only. It was found that while the African strain has a complete and apparently fully

functional kinetoplast, the American *T. vivax* strains have undergone a drastic process of mitochondrial genome degradation, in spite of the recent introduction of these parasites in America. Many of their genes exhibit different types of mutations that are disruptive of function such as major deletions, frameshift causing indels and missense mutations. Moreover, all but three genes (A6-ATPase, RPS12 and MURF2) are not edited in the American strains, whereas editing takes place normally in all (editable) genes from the African strain. Two of these genes, A6-ATPase and RPS12, are known to play an essential function during bloodstream stage. Analysis of the minicircle population shows that its diversity has been greatly reduced, remaining mostly those minicircles that carry guide RNAs necessary for the editing of A6-ATPase and RPS12. The fact that these two genes remain functioning normally, as opposed to that reported in *Trypanosoma brucei*-like trypanosomes that restrict their life cycle to the bloodstream forms, along with other differences, is indicative that the American *T. vivax* strains are following a novel evolutionary pathway.

SCOPUS



Completo

BETANCOR, L.; IRAOLA, G.; CALLEROS, L.; GADEA, P.; ALGOTA, G.; GALEANO, S.; MUXÍ, P.; GREIF, G.; PEREZ, R.

A rural worker infected with a bovine-prevalent genotype of *Campylobacter fetus* subsp. *fetus* supports zoonotic transmission and inconsistency of MLST and whole-genome typing. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases* (E), 2015

Palabras clave: campylobacter; genome

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

ISSN: 14354373 ; DOI: 10.1007/s10096-015-2393-y

<http://link.springer.com/article/10.1007%2Fs10096-015-2393-y>

SCOPUS



Completo

RAMÍREZ JC; CURA CI; DA CRUZ MOREIRA O; LAGES-SILVA E; JUIZ, N; VELÁZQUEZ E; RAMÍREZ JD; ALBERTI A; PAVIA P; FLORES-CHÁVEZ MD; MUÑOZ-CALDERÓN A; PÉREZ-MORALES D; SANTALLA J; MARCOS DA MATTA GUEDES P; PENEAU J; MARCET P; PADILLA C; CRUZ-ROBLES D; VALENCIA E; CRISANTE GE; GREIF, G.; ZULANTAY I; COSTALES JA; ALVAREZ-MARTÍNEZ M; MARTÍNEZ NE; VILLARROEL R; VILLARROEL S; SÁNCHEZ Z; BISIO M; PARRADO R; MARIA DA CUNHA GALVÃO L; JÁCOME DA CÂMARA AC; ESPINOZA B; ALARCÓN DE NOYA B; PUERTA C; RIASTE A; DIOSQUE P; SOSA-ESTANI S; GUHL F; RIBEIRO I; AZNAR C; BRITTO C; YADÓN ZE; SCHIJMAN AG

Analytical Validation of Quantitative Real-Time PCR Methods for Quantification of *Trypanosoma cruzi* DNA in Blood Samples from Chagas Disease Patients. *Journal of Molecular Diagnostics*, v.: 17 5, p.: 605 - 615, 2015

Palabras clave: PCR tiempo real, diagnóstico, chagas

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 15251578 ; DOI: 10.1016/j.jmoldx.2015.04.010

Artículo publicado como resultado de las tareas realizadas en el marco del "Taller sobre la estandarización y validación analítica de la qPCR para cuantificar la carga de ADN de *Trypanosoma cruzi* en sangre periférica de pacientes con enfermedad de Chagas", realizado en Buenos Aires, Argentina, en la fecha del 12 al 17 de diciembre de 2011

THOMSON
ISI

SCOPUS



Completo

COITINHO, C.; GREIF, G.; VAN INGEN, J.; LASERRA, PAULA ; ROBELLO, C.; RIVAS, C.

First case of *Mycobacterium heckeshornense* cavitary lung disease, in Latin America and Caribbean region. *New Microbes and New Infections*, 2015

Palabras clave: Tuberculosis, Mycobacterium, Case Report

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 20522975 ; DOI: j.nmni.2015.12.003

<http://www.newmicrobesnewinfections.com/article/S2052-2975%2815%2900110-9/abstract>

Publication History Published Online: December 18, 2015 Accepted: December 9, 2015 Received: October 30, 2015



Completo

GIORELLO, F.M.; BERNÁ, L.; GREIF, G.; CAMESASCA, L.; SALZMAN, V.; MEDINA, K.; ROBELLO, C.; GAGGERO, C.; AGUILAR, P.S.; CARRAU, F.

Genome Sequence of the Native Apiculate Wine Yeast *Hanseniaspora vineae* T02/19AF.. *Genome Announcements*, v.: 2 3, 2014

Palabras clave: Secuenciado masivo, Genoma, levadura, vino

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biotecnología, Secuenciación masiva

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 21698287 ; DOI: 10.1128/genomeA.00530-14

<http://genomea.asm.org/content/2/3/e00530-14.long>

ABSTRACT The use of novel yeast strains for winemaking improves quality and provides variety including subtle characteristic differences in fine wines. Here we report the first genome of a yeast strain native to Uruguay, *Hanseniaspora vineae* T02/19AF, which has been shown to positively contribute to aroma and wine quality.



Completo

BERNÁ, L.; IRAOLA, G.; GREIF, G.; COITINHO, C.; RIVAS, C; NAYA, H.; ROBELLO, C.

Whole-Genome Sequencing of an Isoniazid-Resistant Clinical Isolate of *Mycobacterium tuberculosis* Strain MtURU-002 from Uruguay . *Genome Announcements*, v.: 17 4, 2014

Palabras clave: Tuberculosis, MDR

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Tuberculosis, Secuenciación masiva

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 21698287 ; DOI: 10.1128/genomeA.00655-14.

<http://genomea.asm.org/content/2/4/e00655-14.long>



Completo

GREIF, G.; PONCE DE LEÓN, M; LAMOLLE, G.; RODRIGUEZ, M.; PIÑEYRO, MD.; TAVARES-MARQUES, LM; REYNA-BELLO, A.; ROBELLO, C.; ALVAREZ-VALIN, F.

Transcriptome analysis of the bloodstream stage from the parasite *Trypanosoma vivax*. *BMC Genomics*, v.: 14, p.: 149, 2013

Palabras clave: *Trypanosoma vivax*, RNAseq, transcriptoma

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 14712164 ; DOI: 10.1186/1471-2164-14-149

<http://www.biomedcentral.com/>



SCOPUS



Completo

COITHINO, CECILIA; GREIF, G.; ROBELLO, C.; LASERRA, PAULA ; WILLERY, E.; SUPPLY, P.

Rapidly progressing tuberculosis outbreak in a very low risk group.. *European Respiratory Journal*, 2013

Palabras clave: Tuberculosis, outbreak

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 09031936 ; DOI: 10.1183/09031936.00150413



SCOPUS



Completo

GREIF, G.; COITHINO, CECILIA; RIVAS, C; VAN INGEN, J.; ROBELLO, C.

Molecular analysis of isoniazid-resistant *Mycobacterium tuberculosis* isolates in Uruguay. *International Journal of Tuberculosis and Lung Disease*, v.: 16 7, p.: 947 - 949, 2012

Palabras clave: Tuberculosis, Genotipado

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Tuberculosis

Medio de divulgación: Papel ; ISSN: 10273719

Trabajo aceptado para publicación, disponible online: <http://www.ingentaconnect.com/content/iatld/ijtld/pre-prints/ijtld110559;jsessionid=a8jf2ak14basp.victoria> <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22507192>



SCOPUS

Completo

COITHINO, CECILIA; GREIF, G.; ROBELLO, C.; RIVAS, C

Identification of Mycobacterium tuberculosis complex by polymerase chain reaction of Exact Tandem Repeat-D fragment from mycobacterial cultures. International Journal of Mycobacteriology, v.: 1 3, p.: 146 - 148, 2012

Palabras clave: tuberculosis, Identification, Diagnosis

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 22125331 ; DOI: 10.1016/j.ijmyco.2012.07.002

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2212553112000647>

C. Coitinho, G. Greif, C. Robello, J. van Ingen, C. Rivas Identification of Mycobacterium tuberculosis complex by polymerase chain reaction of Exact Tandem Repeat-D fragment from mycobacterial cultures International Journal of Mycobacteriology, Available online 27 August 2012 <http://dx.doi.org/10.1016/j.ijmyco.2012.07.002> Article history Received 21 June 2012 Accepted 22 July 2012 Available online 27 August 2012



Completo

RIVAS, C; GREIF, G.; COITHINO, CECILIA; ARAÚJO, LUIS; LASERRA, PAULA ; ROBELLO, C.

Primeros casos de tuberculosis pulmonar por Mycobacterium bovis. Una zoonosis reemergente en Uruguay. Revista Médica Del Uruguay, v.: 28 3, p.: 49 - 54, 2012

Palabras clave: tuberculosis, bovis, humano

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 03033295



Completo

[RICHERI, A.](#); [CHALAR, C.](#); [MARTÍNEZ, G.](#); [GREIF, G.](#); [BIANCHIMANO, P.](#); [BRAUER, M.](#)

Estrogen up-regulation of semaphorin 3F correlates with sympathetic denervation of the rat uterus. Autonomic neuroscience, 2011

Palabras clave: Sex hormones; Axon degeneration

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / neurociencias

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 15660702 ; DOI: 10.1016

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1566070211003456>



Completo

[VAGLIO, A.](#); [GREIF, G.](#); [BERNAL M.](#); [SANGUINETTI, C.](#); [MECHOSO B.](#); [QUADRELLI A.](#); [TUCCI, P.](#); [MILUNSKY JM.](#); [HUANG XL.](#); [PAGANO S.](#); [QUADRELLI R](#)

Prenatal and postnatal characterization of a de novo xq22.1 terminal deletion. Genetic Testing, v.: 10 4, p.: 272 - 276, 2006

Palabras clave: X Deletion

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: *Papel* ; Lugar de publicación: USA ; ISSN: 10906576



No Arbitrados

Completo

LASSERRE, M.; BERNÁ, L.; GREIF, G.; DÍAZ-VIRAQUÉ, F.; IRAOLA, G.; NAYA, H.; CASTRO-RAMOS, M.; JUAMBELTZ, A.; ROBELLO, C.

Whole-Genome Sequences of Mycobacterium bovis Strain MbURU-001, Isolated from Fresh Bovine Infected Samples.. Genome Announcements, v.: 5, 2015

Palabras clave: Tuberculosis bovina

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 21698287 ; DOI: 10.1128/genomeA.01237-15

Completo

GREIF, G.; IRAOLA, G.; BERNÁ, L.; COITHINO, CECILIA; RIVAS, C; NAYA, H.; ROBELLO, C.

Complete Genome Sequence of Mycobacterium tuberculosis Strain MtrURU-001, Isolated from Rapidly Progressing Outbreak in Uruguay.. Genome Announcements, v.: 2 1, 2014

Palabras clave: Tuberculosis, Genome

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet ; ISSN: 21698287 ; DOI: 10.1128/genomeA01220-13

<http://genomea.asm.org/content/2/1/e01220-13.full.pdf+html?sid=7572065c-4fdd-49f5-8c55-17555d5314d7>

Manuscripts submitted to genomeA will be editorially reviewed for appropriate content

Artículos aceptados

Trabajos en eventos

Completo

ABREU, C.; PALACIOS, F; PRIETO, D. ; MORANDE, P.; GREIF, G.; FERNANDEZ CALERO, T.; GABÚS, R.; DIGHIRO, G.; OPPEZZO, P.

Genome-wide DNA methylation of a proliferative CLL subset reveals upregulation of antiapoptosis/proliferation and drug resistance related genes , 2015

Evento: Internacional , XVI International Workshop on Chronic Lymphocytic Leukemia 2015 , Sydney, Australia , 2015

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet;

Resumen

RODRIGUEZ, M.; GREIF, G.; REYNA-BELLO, A.; ROBELLO, C.; ALVAREZ-VALIN, F.

Adaptación de Trypanosoma vivax americano a la transmisión mecánica: remodelación del kinetoplasto , 2015

Evento: Internacional , Sociedad Argentina de Protozoología XXVII Reunión Anual , Buenos Aires , 2015

Anales/Proceedings: Libro de Resúmenes

Palabras clave: trypanosoma vivax, kinetoplasto

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Papel;

Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Apoyo financiero; Institut Pasteur de Montevideo /

Remuneración; Facultad de Ciencias - UDeLaR / Remuneración

Trabajo seleccionado para presentación oral. Presentación en poster.

Completo

NAYA, H.; IRAOLA, G.; SPANGENBERG, L.; BASTOS, B.; GRAÑA, M.; VASCONCELLOS, L.; ALMEIDA, A.; GREIF, G.; RISTOW, P.

Transcriptome sequencing reveals extensive expression reprogramming of basal metabolism and novel genes during biofilm formation in the saprophyte Leptospira biflexa Transcriptome sequencing reveals extensive expression reprogramming of basal metabolism and novel genes during biofilm formation in the saprophyte Leptospira biflexa , 2014

Evento: Internacional , Scientific Symposium of the Institut Pasteur International Network , París , 2014

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

Medio de divulgación: Internet;

Trabajo presentado de forma oral en el Scientific Symposium of the Institut Pasteur International Network

Completo

IRAOLA, G.; GREIF, G.; BERNÁ, L.; COITINHO, C.; RIVAS, C; NAYA, H.; ROBELLO, C.

Genome-wide characterization of Mycobacterium tuberculosis outbreaks in the low-risk uruguayan population , 2014

Evento: Internacional , Scientific Symposium of the Institut Pasteur International Network , Paris , 2014

Palabras clave: tuberculosis, secuenciado masiva, epidemiología

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática/Epidemiología

Medio de divulgación: Otros;

Trabajo seleccionado para presentación oral en el Scientific Symposium of the Institut Pasteur International Network

Completo

COITINHO, C.; GREIF, G.; ROBELLO, C.; LASERRA, PAULA ; RIVAS, C

First case of Mycobacterium heckeshornense cavitary lung disease in the Americas and Caribbean Region , 2014

Evento: Internacional , 35th Annual Congress of the European Society of Mycobacteriology (ESM 2014) , Viena , 2014

Palabras clave: Mycobacterias No Tuberculosas

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Tuberculosis/Epidemiología

Medio de divulgación: Otros;

Trabajo seleccionado para presentación oral en el 35th Annual Congress of the European Society of Mycobacteriology (ESM 2014).

Sistema Nacional de Investigadores

Completo

TOSAR, JP; SANGUINETTI, J; BONILLA, B.; GREIF, G.; CAYOTA, A.

Diversidad de pequeños ARNs secretados por células tumorales y no tumorales en distintas fracciones extracelulares: estudios preliminares por NGS , 2013

Evento: Nacional , VIII SBBM (Facultad de Ciencias, Montevideo, 12-13 de setiembre de 2013) , Montevideo , 2013

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet;

http://www.iibce.edu.uy/SBBM/Docs/jornadas/jornadas2013/2013_CONFERENCIAS%20Y%20PRESENTACIONES%20EN%20SIMPOSI

Resumen

RAMA G; MORATORIO, G.; GREIF, G.; OBAL, G.; BIANCHI S.; TOMÉ L; CARRION, F.; MEIKLE, A.; PRITSCH, O.

Development of a real time PCR assay using SYBR Green chemistry for bovine leukemia virus detection , 2011

Evento: Internacional , 15th International Conference on Human Retroviruses: HTLV and Related Viruses 5-8 June 2011 , Leuven and Gembloux, Belgium , 2011

Anales/Proceedings: Retrovirology 2011 doi: 10.1186/1742-4690-8-S1-A17 , 8Arbitrado: SI

Palabras clave: BLV, Real Time, Diagnóstico

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet;

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3112642/>

Completo

GREIF, G.; RIVAS, C; COITHINO, CECILIA; ROBELLO, C.

Primer análisis epidemiológico molecular de cepas de Mycobacterium tuberculosis resistentes a drogas aisladas en Uruguay e identificación de una nueva especie. , 2010

Evento: Nacional , XIII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias , Piriapolis , 2010

Palabras clave: tuberculosis

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular

Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Tecnologías que involucran la identificación de ADN, proteínas y enzimas / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet;

Financiación/Cooperación: Otra institución nacional / Comisión Honoraria de Lucha Anti-tuberculosis / Cooperación

<http://www.pasteur.edu.uy/sub/>

Completo

GREIF, G.; ROBELLO, C.; RIVAS, C; COITHINO, CECILIA

Molecular analysis of drug resistant strains of Mycobacterium tuberculosis in Uruguay, and the identification of a new specie. , 2009

Evento: Internacional , IV Reunion SLAMTB (Sociedad Lationamericana de Tuberculosis y otras Micobateriosis) , Rosario, ARgentina , 2009

Palabras clave: Tuberculosis, Biología Molecular

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular

Medio de divulgación: Papel;

Resumen

RICHERI, A.; CHALAR, C.; BIANCHIMANO, P.; GREIF, G.; BRAUER, M.

Estrogen regulation of semaphorin expression in the rat uterus , 2008

Evento: Internacional , EMBO Workshop "Semaphorin Function and Mechamisms of Action" , París , 2008

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Otros;

Completo

GREIF, G.; PARODI, A.; ROBELLO, C.

Ubiquitinación de proteínas en respuesta al estrés oxidativo en Trypanosoma cruzi , 2007

Evento: Internacional , Workshop: Avaliação pós-genômica da expressao génica em parasitas , Curitiba , 2007

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Otros;

Completo

RICHERI, A.; CHALAR, C.; BIANCHIMANO, P.; GREIF, G.; BRAUER, M.

Estrogen regulation of semaphorin expression in the uterus , 2007

Evento: Internacional , VII Congreso Mundial de Neurociencia, IBRO , Melbourne , 2007

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Papel;

www.ibro2007.org

Completo

PARODI, A.; GREIF, G.; ROBELLO, C.

Análisis de respuestas al estrés físico-químico en Trypanosoma cruzi , 2006

Evento: Nacional , V Jornadas de la SBBM , Montevideo , 2006

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Papel;

Completo

GREIF, G.

Aportes para un sistema de trazabilidad de organismos genéticamente modificados (ogms) y derivados mediante herramientas moleculares , 2005

Evento: Nacional , INNOVA , Montevideo , 2005

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Otros;

Resumen

GREIF, G.; SEÑORALE, M.

A DNA aptamer developed by selex against ubiquitin recognizes specific protein populations in cellular extracts , 2005

Evento: Internacional , X Congreso de la Panamerican Association for Biochemistry and Molecular Biology (PABMB) , Pinamar , 2005

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Otros;

Resumen

GREIF, G.; SEÑORALE, M.

Desarrollo y caracterización de aptámeros con alta afinidad por ubiquitina , 2005

Evento: Nacional , XI Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias , Lavalleja , 2005

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Otros;

Resumen

ECHARTE, L.; TUCCI, P; GREIF, G.; SANGUINETTI, C

Prevalencia de polimorfismos farmacogenéticos del citocromo P450 (CYP) 2c9 en la población Montevideana , 2004

Evento: Internacional , 12 Edición de Farmapolis , Florianopolis , 2004

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Otros;

Completo

GREIF, G.

ADN cincuenta , 2003

Evento: Internacional , 2das Jornadas de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular , Montevideo , 2003

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Medio de divulgación: Otros;

Producción técnica

Productos

Prototipo , Otra

DE LOS SANTOS, J.; GREIF, G.; COTA, G.; SANGUINETTI, C

Kit para genotipado de gen FV Leiden por PCR en tiempo real , Kit para genotipado de gen FV Leiden por PCR en tiempo real , 2008

Aplicación: NO

Institución financiadora: ATgen Sistemas Moleculares / Proyecto PDT S/E/INI/06/054

Palabras clave: PCR Real Time

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet; *Disponibilidad:* Restringida; *Ciudad:* /Uruguay

El kit fue desarrollado con el co-financiamiento de la DICYT a través del proyecto PDT S/E/INI/06/054. El mismo fue desarrollado siguiendo las normas ISO 9001:2000, y comenzará a producirse bajo normas GMP. El registro ante el MSP se realizará antes de finalizar el presente año. Es el primer desarrollo de la empresa con la tecnología de PCR en tiempo real.

Otro , Otra

TUCCI, P; GREIF, G.; SANGUINETTI, C

Toxo , Kit para determinación de presencia de Toxoplasma Gondii en muestras biológicas , 2004

Aplicación: SI , *Aplicación Médica:* Determinación de presencia de T. gondii en muestras biológicas

Institución financiadora: ATGen Sistemas Moleculares

Palabras clave: Toxoplasma

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet; *Disponibilidad:* Irrestringida; *Ciudad:* /Uruguay

www.atgen.com.uy

Más información sobre el kit en www.atgen.com.uy El kit se encuentra registrado en el MSP

Otro , Otra

GREIF, G.; TUCCI, P; SANGUINETTI, C

PreFRAXA , Desarrollo de kit PreFRAXA , 2002

Aplicación: SI , Identificación de individuos que NO presentan la mutación asociada al síndrome de X Frágil

Institución financiadora: ATGen Sistemas Moleculares

Palabras clave: X frágil

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet; Disponibilidad: Irrestricada; Ciudad: /Uruguay

www.atgen.com.uy

www.atgen.com.uy

Otro , Otra

GREIF, G.; TUCCI, P; SANGUINETTI, C

Kits para Identificación de polimorfismos puntuales asociados a riesgos de desarrollo de patologías en humanos. , Kits de diagnóstico molecular basados en PCR , 2001

Aplicación: SI , Identificación de polimorfismos genéticos asociados con patologías en humanos

Institución financiadora: ATGen Sistemas Moleculares

Palabras clave: Kits diagnóstico molecular

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet; Disponibilidad: Irrestricada; Ciudad: /Uruguay

www.atgen.com.uy

Los kits que se comercializan y producen en ATGen (bajo normas GMP -Mercosur, FDA-) fueron desarrollados por el núcleo fundador de la empresa. Los kits son los siguientes: FV (kit para identificación de mutación de FV de Leiden) FII (kit para identificación de mutación 20210 en gen del Factor II) Hemocromatosis hereditaria (consiste en dos kits, una para la determinación de la mutación C282Y y otro para la mutación H63D, ambos en el gen HFE) Metil (consiste en dos kits, uno para la determinación de la mutación C677 y otro para la determinación de la mutación A1298T en el gen MTHFR) ApoE (kit para determinación de variaciones alélicas del gen ApoE) Todos estos kits se encuentran además, registrados en el MSP (Montevideo, Uruguay). Se puede encontrar más información sobre ellos y con que patologías se asocian cada uno de ellos en la página web de la empresa (www.atgen.com.uy). Otros productos han sido desarrollados y se encuentran también en la web.

Otros

Cursos de corta duración dictados

Extensión extracurricular

Functional genomics and its applications in Biomedicine , 2011

Uruguay , Inglés , Internet , www.pasteur.edu.uy

Tipo de participación: Docente, Unidad: Unidad de Biología Molecular, Duración: 2 semanas

Institut Pasteur Montevideo , Montevideo, Uruguay

Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo

Palabras clave: Genómica Funcional

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Información adicional: Curso dictado bi-anualmente por la Unidad de Biología Molecular del Institut Pasteur Montevideo. En esta edición se focalizó en NGS. Participaron docentes de USA (J. DeGregori, M. Casas), Suecia (C. Rovira, J. Vallon, A. Kvist) y Francia (P. Glasser), además de profesores nacionales invitados (R. Agrelo, A. Cayota, H. Naya, N. Rego, R. García), e integrantes de nuestro laboratorio (G. Libisch, P. Zorrilla). El curso fue organizado por C. Robello y C. Rovira

Cursos de corta duración dictados

Extensión extracurricular

PCR en tiempo real: sus aplicaciones en el diagnóstico clínico , 2007

Uruguay , Español , Otros

Tipo de participación: Organizador, *Unidad:* IPMON, *Duración:* 1 semanas

IPMON , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: IPMON/Facultad de Ciencias

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Cursos de corta duración dictados

Extensión extracurricular

Tecnologías moleculares para el diagnóstico clínico , 2005

Uruguay , Español , Otros

Tipo de participación: Docente, *Unidad:* Facultad de Química, *Duración:* 1 semanas

Facultad de Química , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: UdEP Facultad de Química

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Cursos de corta duración dictados

Extensión extracurricular

Seminario Teórico-Práctico RT PCR en tiempo real , 2005

Uruguay , Español , Otros

Tipo de participación: Docente, *Unidad:* Facultad de ciencias, *Duración:* 1 semanas

Facultad de ciencias , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Sección Bioquímica (Facultad de Ciencias) y el Departamento de Bioquímica (Facultad de Veterinaria)

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Cursos de corta duración dictados

Perfeccionamiento

Tecnologías moleculares para el diagnóstico clínico , 2004

Uruguay , Español , Otros

Tipo de participación: Docente, *Unidad:* Facultad de Química, *Duración:* 1 semanas

Facultad de Química , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Educación Permanente, Facultad de Química, Universidad de la República

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Cursos de corta duración dictados

Especialización

Functional genomics and its applications in biomedicine: 3rd edition. Host-Pathogen interaction. , 2014

Uruguay , Inglés , Internet

Tipo de participación: Docente, *Unidad:* Unidad de Biología Molecular, *Duración:* 1 semanas

Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Cursos de corta duración dictados

Especialización

Curso Biología Biología Molecular de Tripanosomátidos , 2012

Uruguay , Español

Tipo de participación: Docente,

Institut Pasteur Montevideo , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Trypanosoma cruzi

Cursos de corta duración dictados

Especialización

US-Latin America Cancer Research Network Microarray Training Workshop , 2011

Uruguay , Español , Internet

Tipo de participación: Docente, *Unidad:* Unidad de Biología Molecular, *Duración:* 1 semanas

Institut Pasteur Montevideo , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo/National Cancer Institute

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Cursos de corta duración dictados

Especialización

Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs , 2011

Uruguay , Español

Tipo de participación: Docente, *Duración:* 2 semanas

Institut Pasteur Montevideo , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo

Palabras clave: Secuenciado masivo, miRNA

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Secuenciación masiva

Cursos de corta duración dictados

Especialización

Genómica funcional en Biomedicina , 2009

Uruguay , Español , Internet , <http://www.pasteur.edu.uy/>

Tipo de participación: Docente, *Duración:* 2 semanas

Institut PAsteur de Montevideo , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Institut PAsteur Montevideo

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Cursos de corta duración dictados

Especialización

Fundamentos y aplicaciones biológicas de la espectroscopía de fluorescencia , 2008

Uruguay , Español

Tipo de participación: Docente, *Unidad:* Facultad de ciencias, *Duración:* 1 semanas

Facultad de Ciencias , Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Facultad de Ciencias

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Cursos de corta duración dictados

Otro

Generation of Libraries for Next Generation Sequencing , 2012

Uruguay , Español , Internet , http://www.pasteur.edu.uy/news/generation_libraries_next_generation_sequencing

Tipo de participación: Docente, *Unidad:* Unidad de Biología Molecular, *Duración:* 2 semanas

Institut Pasteur Montevideo , Montevideo, Uruguay

Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur de Montevideo and the Masters in Bioinformatics Program of PEDECIBA, Montevideo (Uruguay), UNU BIOLAC and ANII.

Palabras clave: Secuenciación masiva

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Secuenciación masiva

Información adicional: Course Description The general idea of the course is to start developing a trained regional community capable of applying next generation sequencing technologies to solve diverse problems in the rapidly evolving area of biomedicine and biotechnology. Consequently the target audience is primarily postgraduate students and postdocs working in research labs interested in applying next generation sequencing approaches to their subjects of study, or already working on them. The course will be focused on practical issues, learning "hands on" the basic procedures for the generation of different sequencing libraries with a special emphasis on Illumina technology. This technology has been recently made available at the Institut Pasteur Montevideo, generating the need to train young researchers from the region in the expanding possibilities offered by this system. In collaboration with the Masters of Bioinformatics Program of Pedeciba, this course will deliver basic protocols for diverse applications in short lectures, providing opportunities for their discussion in seminars. A practical hands on sessions will guide participants through the entire process of a next generation sequencing run, generating libraries of different samples, sequencing them in the Illumina equipment, and perform a basic analysis of the results obtained. Organizers - Dr. Carlos Rovira - Oncology Department - Lund University Dr. José F. Tort - School of Medicine (UdelaR) & Bioinformatics Masters PEDECIBA Teaching Team - Dr. Carlos Rovira - Oncology Department - Lund University Dr. José F. Tort - School of Medicine (UdelaR) & Bioinformatics Masters PEDECIBA Dr. Carlos Robello - Molecular Biology Unit - IP Montevideo MSc. Natalia Rego - Bioinformatics Unit - IP Montevideo MSc. Pablo Smircich - Bioinformatics Masters PEDECIBA - School of Medicine (Udelar) MSc. Gonzalo Greif - Molecular Biology Unit - IP Montevideo MSc. Gabriela Libishc - Molecular Biology Unit - IP Montevideo Lic. Pilar Zorrilla - Molecular Biology Unit - IP Montevideo

Desarrollo de material didáctico o de instrucción

PCR en tiempo real: sus aplicaciones en el diagnóstico clínico , 2007

Uruguay , Español , CD-Rom

CD interactivo para curso de mismo nombre

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Desarrollo de material didáctico o de instrucción

Tecnologías moleculares para el diagnóstico clínico , 2005

Uruguay , Español , CD-Rom

CD interactivo para curso del mismo nombre

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Desarrollo de material didáctico o de instrucción

Biología Molecular y Diagnóstico en Salud Humana , 2004

Uruguay , Español , CD-Rom

Cd interactivo para curso del mismo nombre

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Desarrollo de material didáctico o de instrucción

PCR: una nueva herramienta en el diagnóstico , 2003

Uruguay , Español , CD-Rom

CD interactivo para curso del mismo nombre

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Información adicional: Dictado de teórico y responsable de un módulo práctico. Curso organizado por AUTELA y ATGen con el apoyo de la Facultad de Ciencias, Universidad de la República. 18 al 20 de Julio de 2003. Salto, Uruguay.

Evaluaciones

Evaluación de Convocatorias Concursables

2009 / 2009

Nombre: MOVILIDAD PARA CAPACITACION/Subtipo de Beca: CAMPOS PRIORITARIOS Campo Prioritario: Genómica integrativa,

Cantidad: Menos de 5

ANII , Uruguay

Secuenciación masiva de genoma de Trypanosoma vivax Descripción del Proyecto de Investigación: La capacitación propuesta tiene como objetivo la secuenciación masiva del genoma Trypanosoma vivax y como corolario el aprendizaje de la tecnología de secuenciación masiva denominada Pirosecuenciación (454 Life Sciences, Roch). La duración de esta pasantía será de un mes y permitirá la obtención de datos de secuencias crudas utilizando el sistema de pirosecuenciación del genoma del parásito y un análisis primario de las mismas, para terminar su análisis y anotación junto al equipo de bioinformática que trabaja en el proyecto

Formación de RRHH

Tutorías concluidas

Grado

Tesis/Monografía de grado

Respuesta celular humana frente a la infección por Trypanosoma cruzi , 2013

Tipo de orientación: Cotutor o Asesor

Nombre del orientado: Alejandra García

Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay , Licenciatura en Bioquímica

Áreas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Pais/Idioma: Uruguay/Español

Tesis/Monografía de grado

Sistemas Inteligentes para aplicaciones médicas , 2006

Nombre del orientado: Alfonso María Inthamoussu Pereyra

UCUDAL - Facultad de Ingeniería y Tecnologías , Uruguay , Ingeniería en Informática

Áreas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

Medio de divulgación: Papel, *Pais/Idioma:* Uruguay/Español

Tesis/Monografía de grado

Aplicabilidad de Algoritmos Genéticos para la inferencia de reglas de resistencia a drogas , 2006

Nombre del orientado: Rafael Hermida

UCUDAL - Facultad de Ingeniería y Tecnologías , Uruguay , Ingeniería en Informática

Áreas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática

Medio de divulgación: Papel, *Pais/Idioma:* Uruguay/Español

Otros datos relevantes

Premios y títulos

2004 Iniciativas Biotecnológicas en Uruguay Comité Uruguayo del Programa AMSUD Pasteur

2004 categoría A Pyme Innovadora 2004 Red ProPymes

2003 Premio Arroba empresa Biotecnológica Milenium 21

Jurado/Integrante de comisiones evaluadoras de trabajos académicos

Candidato: Martin Mari

GREIF, G.; OCAMPO, E.

Apoyo al Diagnóstico y Tratamiento del HIV-SIDA. Eliminación de ambigüedades en datos clínicos utilizando agentes con modelo de usuarios , 2006

(Ingeniería en Informática) - UCUDAL - Facultad de Ingeniería y Tecnologías - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

Candidato: Gonzalo Lema

GREIF, G.

Análisis de tratamientos para pacientes con VIH, en base a la integración de consultas sobre su resistencia a droga , 2006

(Ingeniería en Informática) - UCUDAL - Facultad de Ingeniería y Tecnologías - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

Candidato: Martín Canale

GREIF, G.

Aplicación de Sistemas Inteligentes para integración de repositorios de resistencias a drogas antiretrovirales detectadas en tratamientos de VIH , 2006

(Ingeniería en Informática) - UCUDAL - Facultad de Ingeniería y Tecnologías - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

Candidato: Rafael Hermida

GREIF, G.

Aplicación de un Sistema Multiagente para la determinación de resistencia a drogas en niños con HIV positivo , 2005

(Ingeniería en Informática) - UCUDAL - Facultad de Ingeniería y Tecnologías - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

Candidato: Alfonso Inthamoussu

GREIF, G.

plicación de un Sistema Multiagente para la determinación de resistencia a drogas en niños con HIV positivo , 2005

(Ingeniería en Informática) - UCUDAL - Facultad de Ingeniería y Tecnologías - Uruguay

Referencias adicionales: Uruguay , Español

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

Presentaciones en eventos

Congreso

Adaptación de Trypanosoma vivax americano a la transmisión mecánica: remodelación del kinetoplasto , 2015

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 24

Referencias adicionales: Argentina; *Nombre del evento:* XXVII Reunion Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología;

Palabras clave: trypanosoma vivax, kinetoplasto

Congreso

Experiencias de la Plataforma Illumina de Secuenciado Masivo del Instituto Pasteur Montevideo , 2014

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 2

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* Terceras Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Genética del Uruguay; *Nombre de la institución promotora:* Sociedad Uruguaya de Genética

Congreso

Whole genome sequencing of Mycobacterium tuberculosis clinical cases: perspectives in molecular epidemiology , 2014

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 30

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* VII Meeting of the SLAM-TB; *Nombre de la institución promotora:* Sociedad Latinoamericana de tuberculosis y otras micobacterias

Palabras clave: tuberculosis, secuenciado masiva, epidemiología

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Tuberculosis, Secuenciación masiva

Congreso

TALLER INTERNACIONAL DE VALIDACION ANALITICA DE PCR EN TIEMPO REAL PARA LA CUANTIFICACION DE CARGA PARASITARIA EN INDIVIDUOS CON ENFERMEDAD DE CHAGAS , 2012

Tipo de participación: Poster,

Referencias adicionales: Argentina; *Nombre del evento:* XXV Reunión Científica Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología y Enfermedades Parasitarias; *Nombre de la institución promotora:* XXV Reunión Científica Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología y Enfermedades Parasitarias

Palabras clave: trypanosoma cruzi, diagnostico, pcr en tiempo real

2012 TALLER INTERNACIONAL DE VALIDACION ANALITICA DE PCR EN TIEMPO REAL PARA LA CUANTIFICACION DE CARGA PARASITARIA EN INDIVIDUOS CON ENFERMEDAD DE CHAGAS. XXV Reunión Científica Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología y Enfermedades Parasitarias. Juan Carlos Ramirez, Carolina Cura, Otacilio C Moreira, Christine Aznar, Elsa Velázquez, Juan D Ramírez, Anahí Alberti, Paula Pavia, Eliane Lages, María D Flores, Arturo Muñoz, Deyanira Pérez, José Santalla, Paulo Guedes, Paula Marcet, Julie Peneau, Carlos Padilla, David C Robles, Edward Valencia, Gladys E Crisante, Gonzalo Greif, Inés Zulantay, Jaime Costales, Miriam Álvarez, Norma E Martínez, Rodrigo Villarroel, Zunilda Sánchez, Natalia Juiz, Margarita Bisio, Parrado Rudy, Constanza F Britto, Zaida E Yadon, Alejandro G. Schijman

Congreso

Transcriptome analysis of the bloodstream stage from the parasite Trypanosoma vivax. , 2012

Tipo de participación: Poster,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* Red de Institutos Pasteur de las Americas;

Palabras clave: Trypanosoma vivax, RNAseq, transcriptoma

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular

2012. RIIP. Transcriptome analysis of the bloodstream stage from the parasite Trypanosoma vivax. Gonzalo Greif, Miguel Ponce de Leon, Guillermo Lamolle, Matías Rodríguez, Dolores Piñeyro, Lucinda Tabares, Armando Reyna, Carlos Robello, Fernando Alvarez Valin.

Congreso

Presentación Oral: Ubiquitinación de proteínas en respuesta al estrés oxidativo en Trypanosoma cruzi. , 2007

Tipo de participación: Expositor,

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias. ; *Nombre de la institución promotora:* SUB

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Simposio

Simposio Internacional sobre temas de actualidad en la interacción huesped-patogeno , 2016

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 24

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* Simposio Internacional sobre temas de actualidad en la interacción huesped-patogeno; *Nombre de la institución promotora:* FOCEM

Palabras clave: Trypanosoma vivax, micobacterias

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Presentación oral: Micobacterias y Tripanosomas: dos ejemplos de estudio de interacción hospedero-patógeno En el marco del simposio 'Simposio Internacional sobre temas de actualidad en la interacción huesped-patogeno' organizado por FOCEM entre el 10 y 12 de Agosto de 2016 en Asunción, Paraguay.

Simposio

Biobanking and Molecular Profiling Training Workshop , 2010

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 24

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* Biobanking and Molecular Profiling Training Workshop; *Nombre de la institución promotora:* Programa Nacional de Control de Cancer, MSP.

Areas del conocimiento: Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Tecnologías que involucran la identificación de ADN, proteínas y enzimas

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Exposición oral sobre las capacidades de la Unidad de Biología Molecular del IPMON, en cuánto a la plataforma de genómica integrativa.

Taller

Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs , 2011

Tipo de participación: Expositor oral, *Carga horaria:* 40

Referencias adicionales: Uruguay; *Nombre del evento:* Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs; *Nombre de la institución promotora:* Institut Pasteur Montevideo

Palabras clave: Bioinformática; Secuenciación masiva

Areas del conocimiento: Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformatica

Charla en taller: Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs

Encuentro

Lesihmaniasis: Nueva zoonosis para Uruguay , 2015

Tipo de participación: Otros, Carga horaria: 4

Referencias adicionales: Uruguay; Nombre del evento: Lesihmaniasis: Nueva zoonosis para Uruguay;

Palabras clave: lesihmania, epidemiología

Indicadores de producción

<i>Producción bibliográfica</i>	38
<i>Artículos publicados en revistas científicas</i>	20
Completo (Arbitrada)	18
Completo (No Arbitrada)	2
<i>Artículos aceptados para publicación en revistas científicas</i>	0
<i>Trabajos en eventos</i>	18
Completo (No Arbitrada)	12
Resumen (Arbitrada)	1
Resumen (No Arbitrada)	5
<i>Libros y capítulos de libros publicados</i>	0
<i>Textos en periódicos</i>	0
<i>Documentos de trabajo</i>	0
<i>Producción técnica</i>	20
<i>Productos tecnológicos</i>	4
Sin registro o patente	4
<i>Procesos o técnicas</i>	0
<i>Trabajos técnicos</i>	0
<i>Otros tipos</i>	16
<i>Evaluaciones</i>	1
Evaluación de Convocatorias Concursables	1
<i>Formación de RRHH</i>	3
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas</i>	3
Tesis/Monografía de grado	3
<i>Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha</i>	0

Sistema Nacional de Investigadores