

Adrián Pinto Tomás, PhD

Resumen del CV

Realizó estudios profesionales en la Facultad de Microbiología de la Universidad de Costa Rica, graduándose como Licenciado en Microbiología y Química Clínica en el año 2000. Posteriormente realizó estudios de maestría en la Universidad de Costa Rica y se graduó como Máster en Microbiología con énfasis en Biología Celular y Molecular en el año 2002. Durante el periodo 2002-2008 cursó el Programa de Doctorado en Microbiología de la Universidad de Wisconsin-Madison, especializándose en Ecología Microbiana. A partir de enero del 2009 se reincorporó a la Universidad de Costa Rica, en donde se desempeña como Profesor Catedrático en el Departamento de Bioquímica de la Escuela de Medicina, y como Coordinador del Grupo de Investigación en Simbiosis Hospedero-Microorganismo de los Centros CIEMic y CIBCM. Su equipo de investigación se enfoca en el estudio de las interacciones simbióticas entre microorganismos y diferentes hospedadores (principalmente insectos, animales herbívoros y personas), particularmente aquellas con potenciales aplicaciones en agricultura, biotecnología y medicina.

Resumen de la ponencia

Nuestro equipo de investigación utiliza la bioinformática para describir las comunidades microbianas asociadas con diferentes organismos, con el fin de identificar posibles asociaciones simbióticas. Esta información es utilizada para diseñar estrategias de cultivo que permitan obtener los microorganismos de interés, con el fin de caracterizar su genoma y evaluar experimentalmente su posible rol simbiótico y/o potencial biotecnológico. A nivel internacional, esta estrategia ha sido utilizada ampliamente para analizar el microbioma humano y su relación con el envejecimiento saludable. A nivel local, nuestro equipo se ha integrado a un esfuerzo multidisciplinario para analizar el fenómeno del envejecimiento saludable en la llamada “Zona Azul” de la Península de Nicoya, en el cual nos encargamos de comparar el microbioma intestinal entre personas mayores de 80 años que habitan en la zona de longevidad y sus contrapartes del Gran Área Metropolitana. Luego del análisis de 179 muestras fecales de personas mayores de 80 años mediante secuenciación del gen que codifica para el ARNr 16S, nuestros resultados indican que existen diferencias significativas entre la composición del microbioma intestinal de ambas poblaciones. Además, se documenta la presencia de los principales tipos de microorganismos asociados con longevidad en la población bajo estudio, incluyendo la especie *Akkermansia muciniphila*. Esta información ha sido utilizada para seleccionar muestras preservadas a -80°C cuya comunidad microbiana es de interés por su potencial probiótico, obteniéndose mediante cultivo anaerobio varios aislamientos de los géneros *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* y *Blautia* en cultivo puro. Actualmente se trabaja en los análisis metagenómicos de las muestras más promisorias y en expandir la colección de potenciales microorganismos probióticos para futuras investigaciones.

Alejandro Hernández S

Resumen del CV

Hernández es experto en bioinformática y en particular se destaca el diseño molecular de los ARN guías para Edición de Genomas en levaduras y en el proyecto de arroz editado tolerante a estrés hídrico. Alejandro Hernández es egresado del Instituto Tecnológico de Costa Rica, con maestría en biotecnología de la Universidad de Costa Rica- CINVESTAV México y candidato a Doctorado en 2022 del Doctorado en Ciencias Naturales para el Desarrollo. Dispone de alrededor de 15 años de experiencia trabajando en Gobierno, Industria, Organismos internacionales y la Academia. Actual profesor investigador del TEC, y Director Regional de Biotecnología. Se destaca su trabajo en bioseguridad, biotecnología y bioinformática como representante de Gobierno en el Ministerio de Agricultura, Director de Ciencia del Ministerio de Ciencia y Tecnología, así como su participación en el Comité de Cumplimiento y grupo de expertos del Protocolo de Cartagena.

Resumen de la ponencia

Diseño bioinformático de PCR-RT a partir de una región conservada de la secuencia de la espiga de SARS-CoV-2 para evitar falsos negativos por mutación del virus. Se identificó una región conservada correspondiente al gen de la Espiga de SARSCoV2. En este sitio se diseñaron imprimadores para realizar un PCR tiempo real y sus respectivos controles. El diseño permite evitar falsos negativos en un futuro cercano en el que las pruebas estándar fallen por motivo de la acumulación de mutaciones. La prueba funciona de manera correcta con los controles sintéticos y estaría disponible para validarse con pruebas clínicas.

Video de la ponencia: <https://youtu.be/RthPgkK7EHo>

Bernal Cortes Ledezma

Resumen del CV

Investigador de la Agencia Costarricense de Investigaciones Biomédicas. Farmacéutico. Máster en Ingeniería Química y Máster en Biotecnología. Por más de 20 años ha participado en el diseño y dirección del primer bio-repositorio financiado por el Nacional Cancer Institute (NCI) fuera de los Estados Unidos. Ha participado en el diseño, conducción, supervisión y análisis de resultados de diversos estudios epidemiológicos y ensayos clínicos en colaboración con investigadores y científicos locales e internacionales y ha contribuido a capacitar profesionales y científicos de diferentes centros de investigación. Cuenta con amplia experiencia en ciencia de bioespecímenes, biobancos, transferencia de tecnología e investigaciones epidemiológicas sobre cánceres de etiología infecciosa, en especial los causados por el Virus de Papiloma Humano (VPH) y *Helicobacter pylori* campos en los que ha participado en más de 50 publicaciones. Es investigador Principal del estudio PRIMAVERA que evalúa la eficacia de una sola dosis de la vacuna Cervarix en la prevención del cáncer de cervix en mujeres de 9 a 14 años y del estudio VALIDO que busca crear una colección

de muestras para validación de diferentes ensayos para la detección de SARS-CoV-2. También es investigador en otras 7 investigaciones observacionales e intervencionales.

Resumen de la ponencia

Título de la Charla: Estudios de ACIB y su aporte a las investigaciones en genómica y microbioma

Objetivo de la Charla: Hacer una breve descripción de los estudios conducidos por ACIB, haciendo énfasis en los cuidados bioéticos durante el manejo de los datos y las muestras utilizados en investigaciones de genómica y microbioma

La Agencia Costarricense de Investigaciones Biomédicas (ACIB), ha realizado por más de 3 décadas diversas investigaciones en estrecha colaboración con el National Cancer Institute (NCI). En dichas investigaciones se han recolectado muestras e información de más de 40 mil personas en diversos momentos creando una colección de muestras y datos de gran valor científico que continúa generando una gran cantidad de conocimiento. En esta ponencia presentamos los métodos de 3 de estos estudios con un énfasis particular en las muestras y datos disponibles y mecanismos de acceso que aseguran un uso adecuado de los mismos. Finalmente vamos a presentar algunas de las investigaciones en ciencias ómicas realizadas dentro de estos estudios.

Bernal León Rodríguez

Resumen del CV

- Médico Veterinario Universidad Nacional
- Master in Science en Virología con énfasis en Biología Molecular Universidad de Costa Rica
- Estudiante de Doctorado en Ciencias Universidad de Costa Rica (pendiente defensa de la Tesis)
- Cargo actual: Jefe del laboratorio de Bioseguridad, Servicio Nacional de Salud Animal. Ministerio de Agricultura y Ganadería.
- Profesor de Virología Veterinaria, Universidad Técnica Nacional

Resumen de la ponencia

Rabia: lo que los métodos moleculares nos han revelado hasta el momento

La rabia es una enfermedad zoonótica que afecta principalmente a mamíferos y es producida por un virus, envuelto con una hebra simple de ARN de polaridad negativa, que se caracteriza por tener altas tasas de mortalidad en los países en vías de desarrollo. A pesar de que existen controles efectivos y accesibles para controlar esta enfermedad, el virus aún sigue provocando muertes debido a su descuido y por acciones negligentes en su control [1].

La rabia presenta dos ciclos la rabia urbana y la rabia silvestre. En el caso de la rabia urbana el virus circula entre carnívoros usualmente perros, pero también se ha visto en otras especies como mapaches, zorros o ardillas. El último caso de rabia canina reportado en Costa Rica data de 1987, no obstante la rabia silvestre o aérea es transmitida por quirópteros. El principal vector en Costa Rica es el vampiro o murciélago (*Desmodus rotundus*). *D. rotundus* se distribuye desde México hasta el norte de Argentina, Chile y Uruguay, en Costa Rica habita en todo el país y usualmente se desplaza en un radio de 5-8 km alrededor de su refugio en busca de alimento [2], mientras que un estudio realizado en 1968 en Costa Rica demostró que los murciélagos vampiros pueden localizar su refugio original a una distancia de hasta 16 km, pero no 29 km [3].

Estudios realizados en nuestro país indican que este virus produce casos e incluso brotes con una incidencia variable todos los años desde 1985, año en que se creó el programa de rabia en el Ministerio de Agricultura y Ganadería [4]. El objetivo de esta ponencia divulgar como el uso de herramientas bioinformáticas nos permiten conocer la dispersión del virus de la rabia en Costa Rica.

Para ello inicialmente se obtuvieron 31 secuencias del gen N del virus de la rabia de 2004 hasta 2015 con estas secuencias se pudo determinar, que no solo *D. rotundus* transmite rabia en Costa Rica sino también murciélagos insectívoros como *Tadarida brasiliensis*. Encontrándose que la tasa de difusión del virus de la rabia asociados con estas secuencias fue de aproximadamente 11,7 km/año, (95% HPD) y un intervalo de (5,1-18,6 km/año). Se estableció que no hay relación entre la distancia geográfica o temporal y la filogenia de los virus. Que existen dos linajes en Costa Rica constituidos por variantes que están constantemente ingresando desde el norte del continente Linaje 2 (México) y desde Sudamérica Linaje 1 (Colombia), que algunas de estas variantes pueden llegar a extinguirse. Que los ancestros de estos linajes están circulando en América desde 1955 y 1969 respectivamente. Que el virus de la rabia llegó a *Desmodus rotundus* a través de una mordedura de *Tadarida brasiliensis* alrededor del año 1881 con una probabilidad de 0.86 para las secuencias analizadas en este estudio. Se determinó que el gen de la nucleoproteína es tan informativo como el genoma completo.

Christopher Vaglio Cedeño

Resumen del CV

- Doctorado en Ingeniería, Universidad de los Andes
- Maestría en Gerencia de Proyectos, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Finalizado en 2015
- Ingeniería en Biotecnología, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Finalizado en 2011
- Auxiliar de Diseño Publicitario, Liceo San José, Finalizado en noviembre de 2006

EXPERIENCIA LABORAL:

- Universidad de Costa Rica, Cargo: Docente
- Universidad de los Andes, Cargo: Asistente de docencia / Investigador

- Ministerio de ciencia, tecnología y telecomunicaciones de Costa Rica, Cargo: Asesor del Ministro y Viceministro de Ciencia y Tecnología

Resumen de la ponencia

La integración de las diferentes ciencias ómicas permite capturar información en diferentes niveles que al ser traslapada brinda información relevante de cómo funcionan los sistemas biológicos. En este estudio se utiliza la información genómica para la reconstrucción de modelos metabólicos de células cancerosas los cuales luego de ser enriquecidos con información transcriptómica permite determinar rutas críticas o esenciales en donde es posible identificar potenciales blancos terapéuticos a partir del modelamiento basado en restricciones.

A partir de la identificación de las proteínas involucradas en estas rutas es posible desarrollar moléculas capaces de intervenir el funcionamiento de estas de manera tal que se inhiba la ruta de interés. Para esto se utilizó química combinatoria para enriquecer un scaffold en tres puntos de sustitución donde se combinaron aleatoriamente 37 grupos funcionales distintos que luego serian evaluados con un modelo de machine learning lo cual permitió la reducción de 47 millones de moléculas a 5.541.000 con potencial de afectar la ruta metabólica de genes esenciales en células cancerosas.

Eldon Caldwell Marín

Resumen del CV



Eldon Caldwell, Ph.D., Sc.D., D.Ed.

Full Professor/Cathedricus, Department of Industrial Engineering, School of Engineering, University of Costa Rica
Chair of Industrial Engineering Department, Engineering School, University of Costa Rica
Global Outstanding Service Award, IEOM Society, USA
Member of the IEOM Academy of Fellows, USA
Member of the IEOM Global Council, USA
Member of the Distinguished Professors Program, IEEE Computer Society, USA



<https://www.computer.org/profiles/eldon-caldwell>



<http://ieomsociety.org/ieom/council/>

Ph.D. Education, University of Costa Rica
Sc.D. Informatics / Automation and Robotics, University of Alicante, Spain
Ph.D. CS / Industrial Engineering, University of Nevada, LV, USA
M.I.E. Industrial Engineering, University of Costa Rica
M.Sc. Sustainable Health Systems Management, State Distance University, Costa Rica
M.Sc. Marketing Services, Interamerican University of Puerto Rico, Costa Rica
M.B.A. Financial Analysis, Interamerican University of Puerto Rico, Costa Rica
M.Sc. Operations Management, ITESM, Mexico
Bch. Sc. Industrial Engineering, University of Costa Rica, Costa Rica

Specialization Degree in Statistical Quality Analysis, University of Veracruz, Mexico.
Lean Systems Certified Specialist, APICS-MAPV-University of Nevada, USA.
ASQ-Six Sigma Black Belt Certified Trainer, MAPV-University of Nevada, USA.
ISO 9001-2008 Lead Auditor Certified, Quality Assurance of North America.
Belbin Team Work Certified Specialist, Belbin Spain.

Professional experience serving as international manager and senior consultant

Operations Manager at MASECA Group. (1991-1995); Project Manager at Eaton Corp.(1995-1997); General Manager at Bandag Inc. (Quirós & Cía.) Costa Rica (2004-2007); more than 25 years of consulting and advising experience for World Wide Bank, World Wide Health Organization, Interamerican Bank for Develop, Plan International, RTC Peru, Panama Ministry of Health, Honduras Ministry of Health, Costa Rica Ministry of Health, Young Electrical Signs USA, National Resources Center for Inclusive Education/Costa Rica, Banco Popular y Desarrollo Comunal, DOLE Latin America and many others.

Contact information: eldon.caldwell@ucr.ac.cr; phone: (506) 8380-0949
LinkedIn: <https://www.linkedin.com/pub/eldon-glen-caldwell/4a/81b/433>
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0853-2469>

Resumen de la ponencia

Resumen

Los sistemas logísticos de bienes y servicios han sido la base del crecimiento económico mundial en lo que se ha denominado "modernidad" desde mediados del siglo XIX. Pero el avance tecnológico siempre ha determinado la aceleración de la productividad de los recursos y el dinero, así como la reducción de los tiempos de entrega y el logro de la estandarización y la ruptura de las fronteras comerciales.

Las necesidades de diversificación, masificación, seguridad, rapidez, estandarización, personalización, flexibilidad, diferenciación, integración, predictibilidad, automatización, autonomización, sustentabilidad y rentabilidad de los sistemas de logística ha inspirado la configuración de diferentes escuelas de pensamiento productivo y mejores prácticas de excelencia, siendo las más prevalentes en los últimos 200 años la producción artesanal, la producción en masa (o "fordismo"), la producción japonesa (o "Toyota Production System"), la Manufactura de Clase Mundial, la producción basada en la "Teoría de las Restricciones", la Manufactura Concentrada, Fabricación modular, Sistemas de fabricación flexible, Fabricación automatizada y autónoma, "Lean Manufacturing / Lean Logistics" o "Lean Thinking", Sistemas Ciberfísicos de logística y, emergiendo con fuerza en los últimos 20 años, Smart Manufacturing and Logistics Systems (SMLS).

Esta ponencia profundiza en SMLS aplicado a medicamentos y su relación con las diferentes escuelas de pensamiento, reconociendo el dinamismo en el que la aplicación de sus principios ha tenido éxito o ha aportado lecciones aprendidas. Además, se establecen claves conceptuales que se diferencian claramente, pero no se excluyen mutuamente, entre los SMLS de los sistemas ciberfísicos (CP Systems) que han sido ampliamente desarrollados como punta de lanza de la denominada Cuarta Revolución Industrial (Industria 4.0).

Se expone la base de la tecnología y descripciones técnicas que se asocian con el desarrollo SMLS en un nuevo mundo post-COVID 19. Este enfoque tecnológico tiene diferentes aristas en cuanto a las posibilidades que actualmente están más marcadas como tendencia y no tiene un sentido de caja de herramientas actualizada sino de un marco de referencia de la arquitectura empresarial de un SMLS en función de su impacto en la competitividad y el logro de resultados de excelencia operativa.

Cabe señalar que la base tecnológica para SMLS tiene áreas de convergencia en relación a los sistemas ciberfísicos que buscan la implementación de la "fábrica ciberfísica", para lo cual se utiliza una base taxonómica en tres dimensiones esenciales: interconectividad, interoperabilidad y virtualización. Sin embargo, se enfatiza especialmente que un SMLS no es necesariamente un sistema ciberfísico ni la red logística ciberfísica es necesariamente un sistema inteligente. Sin embargo, está claro que la mayoría de las organizaciones que buscan la excelencia operativa toman decisiones para que sus operaciones sean tanto sistemas ciberfísicos como inteligentes.

Esteban Rodríguez Rodríguez

Resumen del CV

Esteban Rodríguez Rodríguez.

e-mail: esteban.rodriguez_r@ucr.ac.cr ó estrod04@gmail.com Tel: 8391-5318

Nombre:	Esteban José Rodríguez Rodríguez.	
Nacionalidad:	Costarricense.	
Domicilio:	Tibás, San José.	
Educación:	Maestría en Microbiología Universidad de Costa Rica	En Curso
	Bachiller Universitario en Ingeniería en Biotecnología. Instituto Tecnológico de Costa Rica.	Feb. 2005
	Bachillerato Universitario en Administración de Empresas. Instituto Tecnológico de Costa Rica.	Mar. 2018
Experiencia:	Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular (CIBCM) de la Universidad de Costa Rica (UCR). Asistente: Desarrollo de tesis de maestría en asociación de genes a enfermedades psiquiátricas y cuantificación de expresión de genes mediante el análisis de datos con uso de herramientas bioinformáticas para procesar la información proveniente de genomas humanos completos y de micro arreglos de expresión.	Jul. 2019-Ago. 2021
	Colaboratorio Nacional de Computación Avanzada (CNCA) Becario: Ganador de la Beca CONARE-CeNAT 2020. Trabajo de análisis de datos con el supercomputador Kabré para análisis de datos bioinformáticos provenientes de genomas completos de humanos.	Jun. 2020-Jul. 2021
	Universidad de Costa Rica (UCR). Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular (CIBCM). Asistente en proyectos de investigación. Búsqueda y organización de información útil para la realización de proyectos de investigación.	2010-2011
	University of Texas Health Science Center at San Antonio (UTHSCSA). Pasantía: Entrenamiento en técnicas de laboratorio e investigación.	Sep. 2008- Dic. 2008

Resumen de la ponencia

Llamado de variantes raras para estudiantes en familias con enfermedades complejas

Ing. Esteban J. Rodríguez R.

Estudiante de Maestría de la Universidad de Costa Rica.

Resumen:

Los estudios de asociación de genoma completo han permitido la identificación de variantes comunes asociadas a diversas enfermedades. Sin embargo, las variantes comunes sólo logran explicar una pequeña parte de la herencia de las enfermedades complejas.

Un enfoque utilizado en enfermedades complejas consiste en estudiar genealogías extendidas para buscar nuevas variantes raras que se transmiten a los individuos afectados dentro de una familia, sin embargo, múltiples métodos de filtrado de variantes priorizan la permanencia de las variantes comunes al intentar minimizar el número de falsos positivos pero esto, a su vez, incrementa la eliminación de falsos negativos, disminuyendo la eficiencia en la detección de verdaderas variantes raras.

Además, otro aspecto a considerar es que múltiples métodos de filtrado utilizan técnicas de “machine learning” que requieren entrenamiento con datos de muestras cuya representación poblacional es baja para ciertas poblaciones.

Por esto, aquí se muestra un pipeline que busca favorecer la identificación de variantes raras de alta calidad y que sea aplicable para el llamado de variantes en línea germinal en familias con alta prevalencia de desordenes complejos.

El pipeline se aplicó en 114 secuencias genómicas de miembros de una gran familia costarricense, multigeneracional, con una alta prevalencia de fenotipos psiquiátricos complejos.

Para el mismo se utilizó un intervalo específico en el que se localiza el gen que sintetiza para la proteína DISC1. Este gen fue previamente reportado como ligado con la esquizofrenia en una familia escocesa cuyos afectados presentan una translocación cromosómica balanceada $t(1:11)(q42.1; q14.3)$. La llamada de variantes se realizó con herramientas de GATK y de acuerdo a las “Best Practices”, utilizando HaplotypeCaller en modo GVCF para todas las muestras y posteriormente se realizó un llamado de variantes en conjunto.

Para el proceso de filtrado se inició con un “Hard-Filtering” seguido de un refinamiento genotípico por pedigrí, y posteriormente se aplicó un proceso de filtrado con la herramienta ForestQC, la cual permite generar un control de calidad sobre las variantes. Esta herramienta utiliza un proceso de filtrado por “machine learning” para lo cual primero genera un proceso de identificación donde divide las variantes en buenas, malas e inciertas. Luego toman las variantes que son detectadas como claramente buenas y las claramente malas para entrenar el modelo, y una vez concluido el procedimiento, la herramienta procede a reevaluar las variantes inciertas y las pronostica como variantes buenas y variantes malas. De esta forma, se toman las variantes buenas de ambas etapas y se genera un archivo con las variantes que pasaron el método de filtrado.

Esta combinación de herramientas permite aplicar las “Best Practices” para el llamado de variantes con un refinamiento genotípico por pedigrí y una herramienta de filtrado que favorecen la identificación de más variantes raras, de calidad, y listas para los debidos análisis posteriores.

Francisco Javier Duarte Martínez

Resumen del CV

Nombre completo:	Francisco Javier Duarte Martínez
Nacionalidad:	Costarricense
Correo electrónico:	fduarte@inciensa.sa.cr
Título profesional:	Doctor en Microbiología y Química Clínica
Grado académico:	Maestría Académica en Microbiología
Código profesional:	1221
Nombre de la institución donde labora (si aplica):	Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud (Inciensa)

Resumen de la ponencia

Actualización - Vigilancia genómica de SARS-CoV-2 en Costa Rica

Dr. Francisco Duarte-Martínez, Inciensa

El Inciensa, como laboratorio oficial del ministerio de salud y encargado de la vigilancia epidemiológica basada en laboratorio, coordina desde el Centro Nacional de Referencia en Virología, el proceso de vigilancia genómica del SARS-CoV-2, con el apoyo del Laboratorio de Genómica y la participación-activa de los laboratorios de la CCSS y laboratorios privados del país, así como de la Facultad de Microbiología de la Universidad de Costa Rica y la Universidad Nacional entre otros. Los resultados de la vigilancia son generados a través de un flujo de laboratorio y un pipeline de análisis bioinformático-estandarizados.

Al 02 de octubre de 2021 la variante de preocupación (VOC) Delta sigue aumentando su presencia en todas las provincias del país. De las últimas 180 muestras seleccionadas, del 8 de agosto al 2 de octubre, en 159 se identificó la variante de preocupación (VOC) Delta. Para la semana del 8 al 14 de agosto (semana epidemiológica 32), Delta representó el 65,8% de las muestras secuenciadas, mientras que para la semana del 19 al 25 de setiembre (semana epidemiológica 38) alcanzó el 96,4%. La tendencia observada es similar a la de otras naciones como Estados Unidos y Reino Unido, donde la VOC Delta a la fecha sigue siendo predominante. De los últimos 180 genomas analizados, 32 corresponden a menores de 15 años, y en 25 de ellos se identificó la variante Delta. También en este grupo se identificaron 3 casos asociados a la variante Gamma, 2 casos de la variante Mu, 1 caso de la variante Lambda y 1 caso de linaje A.2.5 (no VOC/no VOI). 148 genomas provenían de personas con edades entre los 16 y 101 años, residentes en todas las provincias del país de los cuales 134 fueron identificados con Delta, 14 con Gamma y 3 con Lambda. No se detectaron casos nuevos de las VOC Alpha y Beta. Se detalló un claro predominio de Delta sobre las demás variantes de SARS-CoV-2

Acumulado de variantes de preocupación (VOC), variantes de interés (VOI) y variante bajo monitoreo (VUM) del SARS-CoV-2, reconocidas por la OMS e identificadas por el sistema de vigilancia genómica.

Periodo: Enero 2021 a 2 de octubre 2021

Variantes de preocupación (VOC)		
Nombre variante	Acumulado anterior (8 de setiembre)	Acumulado actual (2 de octubre)
Alpha	145	145
Beta	13	13
Gamma	146	160
Delta	225	384
Variantes de interés (VOI)		
Mu	64	66
Lambda	12	16
Variantes bajo monitoreo (VUM)		
VUM B.1.1.519	5	5
VUM B.1.429/427 (antes VOI Epsilon)	13	13
VUM B.1.525 (antes VOI Eta)	4	4
VUM B.1.526 (antes VOI Iota)	6	6
VUM C.36.3	2	2

Existe una comunicación continua de los resultados de vigilancia con las autoridades de salud y los jerarcas. Se utilizan además medios interactivos y visualizadores de árboles filogenéticos tipo *microreact* para comunicar la información con los epidemiólogos. También con la cooperación de la UCR con el proyecto CABANA y la SECOMISCA, se participa en la investigación de la evolución y la vigilancia regional del SARS-CoV-2.

Gabriela Chavarría Soley

Resumen del CV

- Bachillerato en Biología UCR, Maestría en Biología UCR
- Doctorado en Ciencias Naturales Universidad de Erlangen-Nuremberg, Alemania.
- La maestría y doctorado en genética humana.
- Profesora catedrática de la Universidad de Costa Rica, docente e investigadora de la Escuela de Biología, adscrita al Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular.

- Parte del grupo de investigación en Psiquiatría Genética del CIBCM que trabaja con secuencias de genoma completo, datos de microarreglos, de expresión y de metilación para estudiar la base genética de diversos trastornos psiquiátricos.

Resumen de la ponencia

La gran cantidad de datos genéticos y genómicos que se generan hoy en día tienen el potencial de ser donados para otros usos en investigación. Existen diversos factores que influyen sobre la disposición de las personas participantes en estudios genéticos y genómicos a compartir sus datos. El proyecto internacional "Your DNA, Your Say" se basa en una encuesta anónima para estudiar estos factores en diferentes países del mundo. En la ponencia se presentan resultados preliminares de esta encuesta para México, Argentina, Brasil y una muestra piloto de Costa Rica.

Gabriela Hernández Mora

Resumen del CV

Dra. Gabriela Hernández Mora

Estudios

- 2020 PhD en Ciencias Universidad de Costa Rica. San José, Costa Rica
- 2011 M.Sc. en Microbiología con énfasis en bacteriología Universidad de Costa Rica. San José, Costa Rica
- 2007 Licenciatura en Medicina Veterinaria Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica.

Áreas de especialización diagnóstico y patobiología de las infecciones por *Brucella* en mamíferos marinos y otros animales domésticos y salvajes.

Cargo: 2009-2021 Encargada del Laboratorio de Bacteriología- de la Unidad de Microbiología Médico Veterinaria, Servicio Nacional de Salud Animal (SENASA), Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG), Heredia, Costa Rica, Heredia, Costa Rica. Se realiza el diagnóstico de vigilancia de zoonosis bacterianas en el país tales como Brucelosis, Tuberculosis bovina, Leptospirosis, Ántrax, Salmonelosis entre otras

Premios: 2018 Día Internacional de la Mujer. Asociación Costarricense de Salud Pública (ACOSAP). "Por su gran dedicación y contribución como Médico Veterinario a la Salud Pública de nuestro país, enfocado principalmente en la prevención de Zoonosis" **2017** Dr. Gonzalo Fernández. Colegio de Veterinarios. "Por su contribución a la mejora de la profesión médica veterinaria a través de la función en el sector público".

Tutorías: 2 tesis de Maestría, 8 licenciaturas, 2 bachilleratos y 1 Diplomado

Artículos en revistas científicas indexadas: 14, **Capítulo de libros:** 2, **Participación en conferencias con ponencias orales:** 17, **Participación en conferencias con posters:** 11

Resumen de la ponencia

Gabriela Hernández-Mora

Unidad de Microbiología Médico Veterinaria, Servicio Nacional de Salud Animal (SENASA),
Ministerio de Agricultura y Ganadería, Heredia, Costa Rica

Los varamientos de cetáceos son eventos ecológicos y médicos invaluable que han atraído el interés y la atención del público durante décadas. Desde enero del 2004 hasta Octubre del 2020, se ha reportado un total de 183 cetáceos de veintinueve especies diferentes varados en las costas costarricenses. De estos animales, el 96.7% (n = 177) se reportaron encallados en la costa del Pacífico y 3.3% (n = 6) en la costa del Caribe. Se han incorporado numerosas técnicas para mejorar la adquisición de datos biológicos y aumentar la sensibilidad y especificidad de la detección de enfermedades, incluyendo biometría, necropsia completa, serología, bacteriología clásica y molecular, virología, histopatología y, más recientemente, tomografía axial computarizada (TAC). El delfín rayado (*Stenella coeruleoalba*) es la especie que con mayor frecuencia encalla con un 43.7% (n = 80) del total de casos. Se realizaron necropsias completas en el 78.7% (n = 61) de estos delfines y se aisló *Brucella ceti* ST26 del líquido cefalorraquídeo (LCR) en el 72.1% (n = 44) de ellos. La meningoencefalitis con aumento del volumen de líquido cefalorraquídeo y opacidad con hidrocefalia secundaria sigue siendo la presentación más común a nivel histopatológico, y con la utilización del TAC se ha logrado además abordar de una manera pionera en la medicina veterinaria de cetáceos, la ventriculomegalia y su clasificación de acuerdo al grado de severidad. La neurobrucelosis en humanos es una complicación de la infección por bacterias del género *Brucella* que se presenta en un 5-25% de los casos. Por lo tanto, los delfines representan un modelo de estudio importante para abordar el diagnóstico de neurobrucelosis y conocer los factores de virulencia asociados a estas bacterias, que pueden ser transpolados a la infección en Sistema Nervioso central de los seres humanos. El abordaje con diferentes técnicas diagnósticas incluyendo medios de cultivo no comerciales, permite un diagnóstico robusto de brucelosis en animales marinos en el país, siendo este un ejemplo del abordaje diagnóstico requerido en humanos infectados con brucelosis que hasta el momento no ha sido aplicado en Costa Rica.

Guilherme Oliveira

Resumen del CV

Dirección profesional: Vale Institute of Technology – Desarrollo Sostenible. Rua Boaventura da Silva 955, Belém, PA, 66055-090, Brasil | Teléfono: +55-91-321305580 | Correo electrónico: guilherme.oliveira@itv.org

El trabajo actual del Dr. Oliveira se centra en describir la biodiversidad de la Amazonía, con especial atención a las regiones de Canga, desde una perspectiva molecular, con el uso de códigos de barras de ADN, genómica y enfoques proteómicos. Uso extensivo de herramientas computacionales para proporcionar información genómica y de distribución genética de novo sobre plantas, invertebrados y los microbiomas de diferentes entornos.

Experiencia profesional

- Director, Vale Institute of Technology – Desarrollo Sostenible. Desde 6/2020.
- Investigador, Vale Institute of Technology – Desarrollo Sostenible. 4/2016 – 6/2020.
- Investigador, FIOCRUZ - René Rachou Research Center. 6/2001 - 02/2013.
- Investigador, Hospital Santa Casa, Belo Horizonte. 8/1999 - 8/2008
- Becario Postdoctoral, FIOCRUZ - René Rachou Research Center. 10/1995 – 7/1999
- Estudiante de doctorado, Texas A&M University. 3/1991 - 4/1995.

Responsabilidades y logros

- Presidente de la Asociación Brasileña de Bioinformática y Biología Computacional: 2010-2014.
- Miembro de la Junta De la Sociedad Internacional de Biología Computacional: 2009-2015.
- Miembro del Consejo Nacional de Investigaciones (CNPq):2009-actualidad.

Resumen de la ponencia

Virus y bacterias amazónicas: una perspectiva desde el medio ambiente, murciélagos y SARS-CoV-2

La Amazonía es un punto caliente para la biodiversidad de la flora y la fauna. Sin embargo, la diversidad de microorganismos no ha sido estudiada en gran profundidad. El área del Mosaico de Carajás, Estado de Pará, en la Amazonía oriental ha sido ampliamente estudiada ya que las actividades mineras industriales a gran escala están presentes en el área. Aunque la mayoría de los estudios se concentran en plantas y animales, se deseaba investigar si los microorganismos pudieran utilizarse como un indicador del estado de la biodiversidad local. Para este propósito, hemos muestreado rutinariamente lagos, ríos y suelo. El foco de este trabajo serán las cuevas ferruginosas que abundan en la interfaz del bosque y los campos ferruginosos de altitud. Dividimos

las cuevas en tres áreas dependiendo de la cantidad de luz presente, luz, tenue y oscuridad. Los microorganismos que identificaron se pueden utilizar para distinguir las tres regiones, aunque la mayoría de los organismos son comunes. La mayoría de las funciones también son compartidas, como la hemo-heterotrofia, la fijación de nitrógeno y la degradación de hidrocarburos. También observamos patógenos humanos, esencialmente aquellos que causan infecciones oportunistas.

El trabajo de metagenómica posicionó al instituto para contribuir a la realización de la secuencia del genoma del SARS-CoV-2. Vale financió un proyecto conjunto entre ITV, el laboratorio de referencia del país de la Fundación Oswaldo Cruz, y otras instituciones para este propósito. Actualmente, 140 investigadores de 12 instituciones se han comprometido a proporcionar más de 7.500 muestras para la secuenciación del genoma. Se desarrolló una tubería, PiPeCov, para el ensamblaje del genoma y el análisis de los datos de Illumina. Se probaron varios kits, y el primer lote se produjo con un conjunto de imprimación interno desarrollado por Fiocruz, seguido de la secuenciación de los amplicones. La mayoría de los 561 genomas secuenciados eran de la variante P1, pero también se observaron otras variantes preocupantes, como la B.1.351. Es ampliamente aceptado que el SARS-CoV-2 se originó en murciélagos. Como teníamos disponible un gran conjunto de datos de transcriptomas de tres especies de murciélagos en peligro de extinción, primero investigamos la evidencia para la transcripción de genes virales. Se identificó una gran cantidad de virus, pero ningún Coronavirus. También probamos, mediante modelado molecular, si la proteína espiga del SARS-CoV-2 podía unirse al murciélago ACE2 recuperado del transcriptoma con alta afinidad. Descubrimos que al menos una especie de murciélago, pero tal vez dos, podrían interactuar con el SARS-CoV-2.

Este trabajo fue financiado por Vale y CABANA-RCUK.

José Vega Baudrit

Resumen del CV

1. Doctorado en NANOTECNOLOGIA, Departamento de Química Inorgánica de la Universidad de Alicante, España. 2002-2005, 2005.
2. Especialidad en POLÍMEROS BIODEGRADABLES otorgada por el National Institute of Materials and Chemical Research –NIMC, Tsukuba, Japón, 2002.
3. Maestría en Ciencias en Ingeniería Química en Polímeros, Universidad de Guadalajara, Jalisco, México, 1994-1996.
4. Bach y Licenciatura en Química, Universidad de Costa Rica, San Pedro, Costa Rica, 1992.
5. Otros:
 - De 2006 a la fecha: ocupa el cargo de Director del Laboratorio Nacional de Nanotecnología –LANOTEC del Centro Nacional de Alta Tecnología CENAT del CONARE.
 - De 1992 a la fecha: catedrático en el Laboratorio de Polímeros – POLIUNA- de la Escuela de Química de la Universidad Nacional, como profesor-investigador.
 - Vicepresidente de la Junta Directiva del CONICIT desde 2017.
 - Miembro fundador y de la Junta Directiva del clúster de biotecnología CRBiomed, desde 2009.

- Presidente y coordinador del Área de Dispositivos Médicos de ILSI Mesoamérica desde 2021.
- Miembro del Comité Central de Posgrado CCP SEPUNA de la Universidad Nacional desde 2021.
- Coordinador del área científica y tecnológica de la Red Amigos de Europa, del Ministerio de Relaciones Exteriores de CR.
- Secretario ejecutivo de la Olimpiada Costarricense de Química OLCOQUIM desde 2016 a la fecha.
- Presidente del Comité para la Normalización de Plásticos de un solo uso, del Comité para la Normalización de Biomarcadores moleculares y vicepresidente del Comité para la Normalización de Nanotecnología de INTECO, participación en 7 comités: Nanotecnología, Plástico, Plásticos de 1 uso, Biotecnología, Dispositivos médicos, Biomarcadores moleculares y Textiles.
- Representante del LANOTEC CENAT en el Comité Técnico de Bioinformática Clínica CTDC del Ministerio de Salud.
- Fundador de la Unión Costarricense de Cristalografía UCCr y representante por Costa Rica de la IUCr de cristalografía, fundador y representante por Costa Rica en la Latin American Crystallographic Association LACA.
- Representante por Costa Rica en la International Union of Pure and Applied Chemistry IUPAC.
- Representante por Costa Rica en las redes de NANOANDES, BIONNA, NANODYF, NANOCELIA, BIORRECER y ENVABIO del CYTED.
- Escritura coordinación y participación en proyectos de investigación: aprox. 250,
- Participación en eventos (seminarios, simposios, talleres, congresos, cursos, entre otros): más 350 eventos.
- Artículos en revistas científicas indexadas: sobre 225.
- Publicaciones en eventos y congresos: sobre 300.
- Capítulos de libros: 20.
- Apoyo y creación de empresas de alta tecnología entre 2012-2018.
- Premiado con “Campeón de la Innovación”, MICITT, 2013 y 2015 a través del LANOTEC y POLIUNA.
- Apoyo y creación de 5 patentes nacionales e internacionales.
- Inicia en el 2016 el proceso de Acreditación del LANOTEC bajo la Norma ISO 17025.
- Tutor y asesor de 36 tesis de licenciatura, 14 de doctorado y maestría.

Resumen de la ponencia

Nanotecnología: un concepto más allá de la nanomedicina

Dr. José Vega Baudrit

Dr. Allan Orozco

LANOTEC CENAT CONARE

San José, Costa Rica

El término "nanotecnología" es empleado para definir las ciencias y técnicas que se aplican a nivel de nanoescala (10-9m), y permiten trabajar las estructuras moleculares y sus átomos, lo cual da la posibilidad de fabricar materiales y máquinas a partir del reordenamiento de átomos y moléculas.

Esta disciplina históricamente se inició en 1959, a partir de las propuestas de Richard Feynman, las cuales fueron tan significativas, que actualmente es reconocido como el padre de la nanociencia. Básicamente, la nanotecnología es el estudio, diseño, creación, síntesis, manipulación y aplicación de materiales, aparatos y sistemas funcionales a través del control de la materia a nanoescala, y la explotación de fenómenos y propiedades de la materia a esa escala.

Dentro de este contexto, se concretó la creación del Centro Nacional de Alta Tecnología (CENAT), el cual es un órgano interuniversitario especializado en el desarrollo de investigaciones y postgrados en áreas de alta tecnología y de proyectos de vinculación e innovación tecnológica con el sector gubernamental y empresarial. El CENAT fue creado al amparo del Convenio de Coordinación de la Educación Superior Universitaria Estatal, en la sesión del Consejo Nacional de Rectores (CONARE), número 5-99, del 2 de marzo de 1999. Los rectores de las cuatro universidades públicas de Costa Rica: Universidad de Costa Rica, Instituto Tecnológico de Costa Rica, Universidad Nacional y Universidad Estatal a Distancia integran dicho Consejo.

El objetivo primordial del CENAT es ejecutar actividades de capacitación, de investigación y servicios en ciencia y tecnología en varias áreas estratégicas y programas que permitan proveer al país de la tecnología pertinente para un desarrollo competitivo de los diferentes sectores de la sociedad en el ámbito económico, social y ambiental. Dentro de esas áreas se incluye al Área de Ciencia e Ingeniería de los Materiales y miniaturización de sensores.

Dentro de esta área, y con el apoyo de diversos sectores del país, el Ministerio de Ciencia y Tecnología (MICITT), el Consejo Nacional de Rectores (CONARE), el Centro Nacional de Alta Tecnología (CENAT) y la Industria de Alta Tecnología, así como de instituciones internacionales como la NASA, el 31 de agosto del año 2004, se inauguró el LANOTEC e inició labores de investigación el 18 de octubre del mismo año. El LANOTEC fortaleció al país, brindándole la capacidad de ser el líder tecnológico en la región centroamericana y de El Caribe, con ingeniería de punta en el estudio de materiales avanzados para la investigación, diseño y entrenamiento en tecnologías asociadas a la microtecnología, nanotecnología y ciencia de los materiales. Permite, además, ampliar el desarrollo de conocimiento y colaborar con formación de capital humano, la investigación científica en esta área y contribuye a desarrollar aplicaciones específicas para el sector productivo en diferentes tipos de industrias como la metalúrgica, la de los materiales, la de los polímeros, para la microbiología, la medicina, la geofísica y la exploración espacial, entre otras. Estos conocimientos y futuras innovaciones en diversas aplicaciones tienen un gran potencial comercial y de desarrollo económico para el país y sus colaboradores. Considerando lo anterior, el LANOTEC con tal de ser un ente que lidere en la región, debe poseer un norte dirigido hacia 6 nodos temáticos:

1. Investigación (científica y para la innovación)
2. Extensión
3. Docencia (Ferias, olimpiadas, nanoprofesor)
4. Innovación y emprendedurismo
5. Deporte

6. Arte (nanoarte, arte conceptual)

Asimismo, fomentar la cooperación a nivel científico con universidades, instituciones u otros entes nacionales e internacionales, privados o públicos, y del sector empresarial, de forma bilateral, y de tal forma que se contribuya al desarrollo de tecnologías que permitan el mejoramiento de productos y procesos en el sector industrial, y coadyuven a disminuir la brecha de la nanotecnología entre los países desarrollados y pobres.

Todo este accionar se encuentra enmarcado en la “Estrategia siglo XXI: Conocimiento e innovación hacia el 2050 en Costa Rica”, en donde además de la biotecnología, la cognotecnología y la infotecnología, se menciona a la nanotecnología y su entorno, como una de las “tecnologías convergentes de lo que será la ciencia y la tecnología de las próximas décadas”. También se debe considerar la declaratoria de interés público de la investigación en nanotecnología y sus aplicaciones, publicado en la Gaceta número 93 del 16 de mayo de 2011, que fue apoyada desde el MICITT, con el apoyo del LANOTEC y el TEC. Los hitos del LANOTEC y la nanotecnología en Costa Rica, se pueden resumir en la siguiente lista:

- Creación del LANOTEC-CeNAT, 2004.
- Existencia de programas y redes universitarias sobre nanotecnología en las U de CONARE.
- Decreto N° 36567-MICITT, 2011. “DECLARATORIA DE INTERÉS PÚBLICO DE LA INVESTIGACIÓN EN NANOTECNOLOGÍA Y SUS APLICACIONES.”
- Incorporación a la Secretaría Técnica para la Gestión de Sustancias Químicas Comisión de Nanotecnología: MS, MINAE, CONARE.
- Comité de Químicos y el Grupo de Trabajo sobre Sustancias Químicas, Plaguicidas y Biotecnología– OCDE.
- Incorporación del LANOTEC CENAT en el WPNM de la OCDE a través del MS.
- Creación del CTN de Nanotecnología en INTECO e incorporación de CR en la ISO internacional de nanotecnología.
- Fundación del Clúster Costarricense de Biotecnología, Dispositivos Médicos y Ciencias de la Vida, CRBiomed e incorporación a ILSI Mesoamérica.
- Participación activa en la creación de la Estrategia Nacional de Bioeconomía 2020-2030.

Juan Carlos Valverde Hernández

Resumen del CV

JUAN CARLOS VALVERDE HERNÁNDEZ

Costa Rica
jcvalverdehernandez@gmail.com
www.linkedin.com/in/jcvalverdehernandez
<https://github.com/jcvalverdehernandez>
(+506) 8572 8638

WORK EXPERIENCE

Senior External Data Reviewer, Labcorp, 2021 - present
Scientific Lead, Molecular Biology Department, Speratum, 2019 - 2021
Internship as research assistant, Speratum, 2018 - 2019
Research Assistant, Plant biotechnology laboratory, School of Biology, University of Costa Rica, 2015 - 2018
Research Assistant, Microbial biotechnology laboratory, Natural Products Research Center (CIPRONA), University of Costa Rica, San Jose, 2016 - 2017

TEACHING EXPERIENCE

Molecular biology techniques workshop, Speratum - Universidad de Ciencias Médicas (UCIMED) Cooperation agreement, 2020

EDUCATION

Licentiate Degree in Biology with an emphasis in Molecular Biology and Biotechnology, University of Costa Rica, San Jose, 2018 - present
Bachelor of Biology, University of Costa Rica, San Jose, 2013 - 2017

CERTIFICATIONS

AI programming with Python, Udacity, 2020
Project Management for Development, Inter-American Development Bank, 2020
Basic aspects of the biochemistry and molecular biology of cancer, University of Costa Rica, 2020
Molecular Bases of Immuno-oncology and Immunotherapies, Genes for Health-University of Costa Rica, 2018
Manipulation and use of animals for research purposes, CENIBIOT-Speratum, 2018
Metabolomics in Life Sciences, Osaka University, 2018
Designing with Biology, Copenhagen Institute of Interaction Design (CIID), 2018
Participant in the Synbiothon (Synthetic Biology Competition), Technology Institute of Costa Rica, 2017
Orchids: Seed Biology and Germination, Texas Tech University, 2017
Introduction to Computer Science and Programming Using Python, Massachusetts Innovation & Technology Exchange, 2017

Resumen de la ponencia

Genómica poblacional de las dislipidemias en Costa Rica

Juan Carlos Valverde-Hernández, Sandra Silva de la Fuente, Henriette Raventos, Rebeca Campos-Sánchez

jcvalverdehernandez@gmail.com, rebeca.campos@ucr.ac.cr

Los altos niveles de lípidos en el cuerpo, llamados hiperlipidemias, son considerados factores de riesgo para enfermedades de gran importancia para la salud pública. La hipertrigliceridemia se vincula con el desarrollo de pancreatitis aguda, factor de riesgo para el cáncer pancreático. Por otro lado, elevadas concentraciones de colesterol en plasma sanguíneo dan pie a su acumulación en las paredes arteriales. Este fenómeno es la antesala para desarrollar una amplia variedad de enfermedades cardiovasculares. Por lo que ambas, la hipertrigliceridemia y el hipercolesterolemia son de los principales factores asociados a la mortalidad a nivel mundial. Estilos de vida poco saludables, la preexistencia de enfermedades y la acumulación de mutaciones y variantes genéticas en algunos *loci* participan en el desarrollo de las hiperlipidemias. Si bien hay estudios abundantes que analizan la causalidad genética detrás de esta enfermedad, su mayoría se han enfocado en estudiar individuos en países europeos y de América del Norte. A la fecha únicamente se contabilizan dos estudios de este tipo a nivel nacional. A la luz de esto, el presente estudio pretende caracterizar las frecuencias alélicas de variantes presentes en genes vinculados con la prevalencia de hiperlipidemias a partir de los genomas de un grupo de costarricenses. Se determinará la frecuencia alélica de variantes de riesgo previamente descritas a nivel internacional y se estimará la abundancia de las variantes identificadas en los estudios nacionales previos. Los resultados de la investigación ayudarán a identificar variantes presentes en la población las cuales potencialmente pueden incidir en el desarrollo de ambas patologías, lo cual podría aportar en el abordaje clínico de pacientes con hiperlipidemias desde la perspectiva de la medicina personalizada.

Luis Bermúdez Guzmán

Resumen del CV y la ponencia

Resumen del CV

Luis Bermúdez Guzmán es Biólogo de la Universidad de Costa Rica, tiene un diplomado postítulo en Bioinformática y Biología Computacional de la Universidad de Chile. Es estudiante de la MSc en Genética y Biología Molecular y es estudiante de doctorado en ciencias médicas de la Universidad de Cambridge en el Cancer Research UK Cambridge Institute (próximo a iniciar de forma presencial). Actualmente coordina la Unidad de Investigación Aplicada del Centro de Radiocirugía Robótica. Cuenta con más de 8 publicaciones científicas, 4 de ellas como primer autor en revistas Q1.

Resumen de la charla

Las herramientas bioinformáticas tienen múltiples aplicaciones. Cuando se quiere analizar el impacto de la variación no sinónima en las proteínas, las herramientas de la bioinformática y biología estructural son las mejores para determinar el efecto en términos de estructura y dinámica. No obstante, es importante conocer los principios genéticos y evolutivos que influyen en la patogenicidad de las mutaciones. En esta charla, se analizan estos principios claves en la determinación de la patogenicidad y se exponen ejemplos claros de cómo las herramientas bioinformáticas resuelven las diferencias entre la variación sinónima de la no sinónima.

Marcela Suarez Esquivel

Resumen del CV

Marcela Suárez-Esquivel completó su doctorado en 2019 en la Universidad de Costa Rica. Durante su doctorado realizó pasantías en el Instituto Sanger de la Wellcome en Reino Unido, y en la Universidad de Arizona del Norte (NAU), EE. UU., donde recibió capacitaciones en bioinformática. Ella es Doctora en Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional de Costa Rica, donde se desempeña como académica y es parte del Programa de Investigación en Enfermedades Tropicales (PIET). Su investigación se centra en la genómica y la evolución bacteriana, con especial interés en las variaciones y la preferencia de hospedero de *Brucella* sp. Ha publicado activamente y además se desempeña como revisora de revistas de renombre.

Resumen de la ponencia

Reloj molecular en la brucelosis en Costa Rica

Marcela Suárez Esquivel

Programa de Investigación en Enfermedades Tropicales (PIET)

Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional

Correo electrónico: marcela.suarez.esquivel@una.cr

La brucelosis, causada por *Brucella abortus*, es una enfermedad importante del ganado y los humanos distribuida por todo el mundo. Su erradicación y control ha sido difícil en Centroamérica y Sudamérica, Asia Central, el Mediterráneo y Oriente Medio.

Las estrategias de control, combinadas con métodos filogenéticos, proporcionan la resolución necesaria para relacionar los datos de vigilancia epidemiológica y la dinámica de la población, con base en la diversidad y las distribuciones espacio-temporales de patógenos. Esta información es crucial para la prevención y el control de la propagación de enfermedades a nivel local y mundial. En Costa Rica (CR), la brucelosis se reportó por primera vez a principios del siglo XX y a pesar de muchos esfuerzos, no ha sido controlada. En este estudio, caracterizamos 188 aislamientos de *B. abortus* de CR de ganado, humanos y búfalo de agua, en el periodo de 2003 a 2018, y se realizó la secuenciación del genoma completo (WGS) en 95 de ellos. Éstos se evaluaron en función del origen geográfico, la fecha de introducción, además de sus asociaciones filogenéticas en un contexto mundial y nacional. Nuestros resultados muestran la circulación de cinco linajes de *B. abortus* en CR, relacionados filogenéticamente con aislamientos de Estados Unidos, Reino Unido y Sudamérica.

El linaje I es el dominante y probablemente fue introducido a finales del siglo XIX. El linaje II, representado por un solo aislamiento de búfalo de agua, agrupa con una muestra colombiana y probablemente se introdujo después de 1845. Los linajes III y IV probablemente se introdujeron a principios de la década del 2000. Los linajes predominantes en CR, introducidos hace más de 100 años, están ampliamente distribuidos por todo el país, en contraste con las nuevas introducciones que parecen ser más restringidas geográficamente. Nuestro trabajo es relevante, ya que, considerando la prevalencia de la brucelosis y las prácticas agropecuarias de varios países de ingresos medios y bajos, se podrían encontrar escenarios similares, donde los linajes originales persisten y revelan que la enfermedad no se ha erradicado desde su ingreso inicial a dichos territorios.

Miguel Esquivel Miranda

Resumen del CV

El Dr. Miguel Esquivel Miranda es médico costarricense, especialista en Neurocirugía y Neuro-Oncología. Médico adjunto Servicio de Neurocirugía, Hospital México. Posee además, un máster en Salud Integral y Movimiento Humano con énfasis en Salud. Actualmente forma parte del Grupo Neuro-Oncológico y Base de Cráneo.

Resumen de la ponencia

Altas tecnologías aplicadas al abordaje de la patología oncológica del cerebro

En las cirugías del cerebro se utilizan una serie de técnicas que estandarizan estos procedimientos, inicialmente se debe sujetar al paciente a un sistema que une la cabeza a la mesa de la sala de operaciones para impedir movimientos bruscos durante el procedimiento que puedan afectar la cirugía como tal, luego se debe plantear una herida en el cuero cabelludo que posteriormente llevará al desplazamiento de la piel y del tejido celular subcutáneo para exponer el hueso que tiene que ser abierto por un taladro de alta velocidad que permite hacer un colgajo óseo y exponer el tejido de la duramadre y el tejido cerebral, y así poder realizar el abordaje para atender la lesión. Es fundamental entender que dentro de los procedimientos quirúrgicos puede existir un elemento que tiene que ver con visión y con luz para desarrollar los procedimientos de forma adecuada

Ramsés Badilla Porras

Resumen del CV

- Médico Asistente especialista, Servicio de genética médica y Metabolismo, Hospital Nacional de Niños, C.C.S.S.

-Médico Pediatra, Hospital CIMA

-Investigaciones codirigidas y Co investigador en los proyectos :

1. Terapia intratecal para enfermedad de Niemann Pick tipo –C estudio prospectivo (en curso)
2. Caracterización molecular de retinopatía tipo enfermedad de Leber en población costarricense.
3. Caracterización molecular y clínica de pacientes con lipofuccinosis neuronal ceroida (Enfermead de Batten tipo CLN6) en la población costarricense.
4. PKU- Multicentrico con Biomarin sobre seguimiento de pacientes menores de 5 años en tratamiento con Sapropterina (Centro :The Hospital for Sick Children, Toronto, Ontario, Canadá)
5. Seguimiento de terapia de remplazo enzimático en pacientes con Enfermedad de Morquio (Centro : the Hospital for Sick Children, Toronto, Ontario, Canadá)
6. Programa de seguimiento con sapropterina en pacientes embarazadas (Centro :The Hospital for Sick Children, Toronto, Ontario, Canadá)
7. Proyecto de seguimiento de terapia de remplazo enzimático en pacientes con Enfermedad de maroteaux –Lamy (Centro :The Hospital for Sick Children, Toronto, Ontario, Canadá)
8. Proyecto de seguimiento y comparación de terapias de remplazo enzimático en pacientes con enfermedad de Fabry (Centro: The Toronto general Hospital, Toronto, Ontario, Canadá)

-Investigaciones tuteladas: Caracterización molecular y clínica de pacientes pediátricos con enfermedad de Wilson en Costa Rica

Resumen de la ponencia

La clínica de Genómica el principal eslabón hacia una medicina personalizada efectiva

Con el advenimiento de nuevas técnicas moleculares de análisis cromosómico, secuenciación y estudios que impliquen secuenciación de todo el Exoma o el Genoma de forma clínica, el papel de los estudios moleculares en la práctica clínica diaria ha ido cambiando rápidamente.

Las múltiples herramientas deben ser utilizadas de forma secuencial y racional para lograr de forma efectiva un rápido diagnóstico, que sea de grado clínico para la toma de decisiones médicas y que permita el tratamiento dirigido efectivo y eficiente.

La Clínica de genómica es el paso en un proceso multidisciplinario donde se elaboran diagnósticos diferenciales, se deciden o planean los estudios moleculares y se hace la interpretación clínica de los pacientes para redirigirlos con su médico tratante o enfocarse en un esquema más preciso de tratamiento y seguimiento.

La Clínicenerogenómica permite a múltiples especialidades resolver casos complejos y proporciona la guía para pacientes con presentaciones diversas y complejas para optimizar su diagnóstico, tratamiento, seguimiento y manejo.

Los proyectos piloto hacia esta entidad nos han permitido aumentar el porcentaje de certeza diagnóstico, disminuir listas de espera, generar bases de datos de las mutaciones más frecuentes en la población costarricense y nos abre la posibilidad de optimizar la atención de una forma integral al paciente, así como generar las bases de prevención.

Los nuevos retos se enfocan en poder articular estas clínicas en los procesos ya establecidos e ir entrenando a los profesionales de las diferentes especialidades para el manejo e interpretación de estos resultados.

Rodrigo Mora Bolaños

Resumen del CV

Ingeniero en Materiales con Énfasis en Procesos Industriales, con habilidades de trabajo en equipo, redacción y ejecución de proyectos enfocados en los conocimientos en materiales, procesos de manufactura, impresión 3D y nanotecnología. Durante mis años de carrera universitaria tuve la oportunidad de desarrollar una amplia habilidad en la enseñanza debido a ser profesor tutor del Departamento de Psicología bajo el programa de Proyecto Éxito Académico. En la actualidad soy el coordinador del Área de Ingeniería e Innovación de LANOTEC, donde se hace la dirección de todos los proyectos relacionados con innovación e ingeniería en relación con la nanotecnología.

Resumen de la ponencia de Miguel Esquivel y Rodrigo Mora

Resumen de la ponencia

Se expone un prototipo para abordajes intracraneanos mínimamente invasivos, adaptados para visión principalmente endoscópica e instrumentos quirúrgicos. Se exponen ejemplos clínicos para potenciales aplicaciones del prototipo.

Sandra Romero Hidalgo

Resumen del CV

-Nombre: Sandra Romero Hidalgo

-Correo electrónico: sromero@inmegen.gob.mx

-Lugar de nacimiento: Ciudad de México; México

-Línea de investigación: Desarrollo e implementación de estrategias bioinformáticas de genética de poblaciones aplicadas al estudio genómico de enfermedades Mendelianas y complejas.

-Investigadora en Ciencias Médicas, Instituto Nacional de Medicina Genómica, 2010 a la fecha

-Grados académicos:

- Doctorado en Ciencias Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), 2006
- Maestría en Matemáticas en Bioestadística, Universidad de Waterloo, Canadá, 2001
- Licenciatura en Actuarial, UNAM, 1998

-Investigación:

- Artículos internacionales indizados: 41
- Artículos nacionales: 1
- Reporte Técnico: 1

-Distinciones (últimos 5 años):

- Sistema Nacional de Investigadores, Nivel I (2011-2021)
- Primer Lugar, Premio "Héctor Márquez Monter" otorgado por la Asociación de Genética Humana (México, 2017)
- Tercer Lugar, XXI Encuentro Nacional de Investigadores de la Secretaría de Salud (México, 2016)

-Apoyos recientes (últimos 5 años):

- Fordecyt-Pronaces, CONACyT, México, 2021

Título: "Mosaico genético en México: una mirada desde las artes (exposición colectiva de piezas individuales, exposición de pieza colectiva, activaciones, conferencias, paneles y talleres)"

Participación: Responsable Técnica

- The Lab, Fuel and Queen Mary University of London, 2020-2021

Título: Belongingness

Participación: Responsable en conjunto con la artista Raquel André

- Arte, Ciencia y Tecnología (ACT), Edición 2018, Fondo Nacional para la Cultura y las Artes (FONCA), México, 2018

Título: Mosaico Genético en México: una mirada desde las artes

Participación: Responsable Técnica

Resumen de la ponencia

"Diversidad y estructura genética de una población mezclada, y su impacto en la salud pública"

Sandra Romero-Hidalgo , MMath, PhD
Instituto Nacional de Medicina Genómica, México

Las poblaciones latinoamericanas son el resultado de complejos procesos evolutivos, entre otros, un proceso de mestizaje reciente. Con las tecnologías genómicas actuales es posible estudiar la diversidad de las poblaciones humanas actuales y estimar la estructura genética de los individuos. La estructura genética de un individuo de una población mezclada corresponde a un mosaico con segmentos de diferentes orígenes étnicos. En los últimos años se han desarrollado diversos métodos y programas computacionales que se utilizan para estudiar dicha estructura de mosaico, la cual puede servir para diferentes propósitos como son estudiar el origen y temporalidad de mutaciones o polimorfismos de interés biomédico que contribuyan a entender mejor dinámicas y comportamientos epidemiológicos; así como, aprovechar dicha estructura de mosaico para identificar marcadores genéticos de riesgo asociados a diferentes enfermedades.

Silvana De Souza Pinheiro

Resumen del CV

Silvana De Souza Pinheiro, tiene Ph.D en Investigación, Desarrollo y Control de Medicamentos (Ciencias Médicas y de la Salud) - Universidad de Barcelona-UB/España. Maestría en Genética y Biología Molecular (Bioinformática) - Instituto de Ciencias Biológicas de la Universidad Federal de Pará (UFPA/Brasil). Maestría en Aplicabilidad de Nuevas Tecnologías para la Enseñanza de las Ciencias - Universidad Federal de Pará (UFPA/Brasil). Licenciada en Ciencias Naturales (Habilitación en Química) - Universidad Estadual de Pará (UEPA/Brasil) y Licenciada en Farmacia - Centro Universitario de Pará (CESUPA/Brasil). Tiene experiencia en el campo de la Investigación y Educación, con énfasis en la Enseñanza de la Química, Ciencia de la salud, Química Teórica y Computacional, con aplicaciones en Planificación Farmacéutica. Trabaja principalmente en los siguientes temas: Estudio teórico del mecanismo enzimático, Métodos híbridos QM/MM y QM/MMpol; Modelos de polarización continua (QM/PCM) y MM/GBSA; Transferencia de energía electrónica (EET), Simulación de propiedades espectroscópicas en sistemas biológicos y descripción de la lipofilicidad en biomoléculas. Actualmente es Investigadora colaboradora en la Universidad de Barcelona - España, y Universidad de Pará - Brasil.

Resumen de la ponencia

Actualmente existe un gran esfuerzo en la integración y unificación de bases de datos y herramientas de análisis debido al gran volumen de datos generados. Con tantos datos, los métodos computacionales se vuelven indispensables en las investigaciones biológicas. Los métodos teóricos tanto de la mecánica molecular como de la mecánica cuántica (semi-empíricos, *ab initio* e híbridos) se han vuelto cada vez más seguros para predecir estructuras y propiedades moleculares. La buena concordancia con los datos experimentales ha estimulado la mejora de los métodos teóricos y el consiguiente desarrollo e implementación de nuevas técnicas computacionales.

Sin embargo, la lógica del modelado de datos, antiguamente era muy básica, hoy en día los algoritmos complejos ayudan a crear nuevas soluciones cada vez más importantes para hacernos la vida más fácil, por ejemplo con la inteligencia artificial *AlphaFold* fue publicado la base de datos más completa y precisa de las predicciones de las estructuras de las proteínas humanas. Esta base fue obtenida gracias a un programa de aprendizaje automático capaz de predecir con precisión la forma de una proteína a partir de su secuencia de aminoácidos. El uso de la inteligencia artificial, con su capacidad de predecir computacionalmente la forma de una proteína a partir de su secuencia de aminoácidos, permite que no se tenga que determinar de forma experimental con el uso de técnicas laboriosas y a veces costosas. Con ello podemos ver que la IA ha venido potenciar el área de modelaje molecular, por ejemplo simulaciones de dinámica molecular MD.

Los procesos de transferencia de energía (FRET) en el complejo Flurbiprofeno-Albumina (HSA-FBP) fue estudiado, combinamos simulaciones de MD con cálculos de química cuántica/mecánica molecular (QM/MM) basados en campos de fuerza polarizables. En general, los resultados apoyan firmemente la hipótesis de que los cambios en la fluorescencia del sistema HSA-FBP surgen de un proceso de transferencia de energía. Así como el potencial de la estrategia MD-QM MMPol para describir experimentos FRET en biosistemas. En este caso, este estudio aborda el impacto que juega la naturaleza heterogénea polarizable en la interpretación de los fenómenos FRET en sistemas proteína-ligando, así como las implicaciones que tiene la aproximación de Förster en este contexto. También en este estudio, se investigó el potencial de la metodología MD-QM/MM polarizable para caracterizar los enlaces ligando-receptor y ayudar en el descubrimiento de nuevos sitios de unión. Una aplicación de este tipo, por ejemplo, puede ser relevante en la caracterización de sitios de unión críticos que aparecen de forma transitoria, por ejemplo, por un cambio conformacional en la estructura de la proteína, y que por lo tanto son difíciles de descubrir a partir de la estructura cristalina dada por rayos X.

Stefany Solano González

Resumen del CV

Doctora del Instituto de Biología Integrativa en la Universidad de Liverpool (Reino Unido). Actualmente se desempeña como docente e investigadora en la Escuela de Ciencias Biológicas en la UNA, donde recientemente creó y coordina el Laboratorio de Bioinformática Aplicada.

Se encuentra tutorando 5 proyectos de investigación concluyentes a tesis de licenciatura en biotecnología en la UNA. Estos proyectos se encuentran relacionados al campo clínico-veterinario, agronómico y de potencial industrial; en su mayoría los proyectos se enfocan en organismos fúngicos y aplicaciones bioinformáticas.

Resumen de la ponencia

LABAP: estudiantes en Investigación Dra. Stefany Solano González

El Laboratorio de Bioinformática Aplicada (LABAP) de la Universidad Nacional tiene como meta brindar conocimiento accionable mediante el uso y estudio de aplicaciones bioinformáticas. Bajo este marco desde el LABAP tenemos en ejecución distintos proyectos de investigación desarrollados por estudiantes de la UNA, en los cuáles buscamos potenciar el aprendizaje estudiantil y la crítica científica aplicada a problemas de la realidad nacional. Actualmente desarrollamos 5 proyectos de investigación, concluyentes al grado de licenciatura en biotecnología. En el aspecto más cercano al campo clínico actualmente buscamos identificar marcadores moleculares que permitan en una sola reacción identificar las tres principales especies causantes de ehrlichiosis en Costa Rica. Lo anterior como una solución ante los costos de importación de kits comerciales para identificación y como un aporte a las actuales pruebas de identificación en laboratorios nacionales que llegan a nivel de género. En nuestra investigación nos enfocamos en las especies *E. canis*, *E. chaffeensis* y *E. ewingii*. De estas ya hemos logrado identificar 15 ortogrupos compuestos por proteínas asociadas al proceso de infección, presentes en las tres especies. De estas hemos calculado las distancias genéticas y nos encontramos analizando las regiones hipervariables con el objetivo de diseñar primers específicos direccionados análisis *in silico* para simular PCR de punto final, RFLP y PCRs anidadas. Dentro del esquema agronómico, nos encontramos desarrollando dos proyectos. Uno enfocado en estudiar genes quitinasa de aislamientos fúngicos latinoamericanos y micovirus asociados, con el fin de conocer el potencial de patogenicidad, como producto de una colaboración previa entre el LABAP-CIBCM-INTA y ECA de la UNA. Por otro lado, desarrollamos un proyecto de investigación direccionado a la identificación de potenciales marcadores moleculares asociados a elementos de la patogénesis fúngica en el cultivo de café. Para lo anterior analizamos los genomas de tres variedades de café y de tres patógenos fúngicos asociados. Nuestro objetivo es identificar genes R y proteínas efectoras mediante un proceso de análisis y anotación bioinformática que nos permita diseñar potenciales primers que faciliten una identificación temprana del patógeno en el café; así como desarrollar la plataforma bioinformática que nos permita conocer relaciones patógeno-hospedero aplicables a futuras secuencias de café nacionales. Finalmente, en el LABAP nos interesa mucho los organismos fúngicos y tenemos dos proyectos en esta línea. Uno consiste en identificar el potencial biosurfactante de cepas nacionales aisladas de manglar. Mediante la aplicación de pruebas físico-químicas hemos identificado una cepa con potencial biosurfactante, la cuál puede ser un importante insumo para futuro desarrollo biotecnológico. Finalmente el proyecto más reciente involucra el estudio de propiedades piezoeléctricas en cepas fúngicas, como primeros pasos para conocer el potencial de cepas como biomateriales.

William J. Zamora R.

Resumen del CV

El Dr. William Zamora posee un grado en Química de la UCR, en la misma Universidad obtuvo con honores una maestría académica en Productos Naturales Medicinales y Resonancia Magnética Nuclear. Posee un doctorado con máximos honores en Biología Computacional y Físicoquímica de la Universidad de Barcelona. Ha sido profesor y dirigido trabajos de tesis en la facultad de farmacia y de la facultad de química de la Universidad de Barcelona. Ha participado y está activo en proyectos con fondos otorgados por CRUSA, CSIC, AECID, FORINVE-CONICIT, FEES-CONARE y por la Vicerrectoría de Investigación de la UCR que incluye el proyecto relacionado con la pandemia del COVID-19. También ha sido profesor visitante en la Universidad Federal de Pará en Brasil. Actualmente es profesor de la escuela de química, de la facultad de farmacia y del programa de posgrado en química y de ciencias biomédicas de la UCR. Adicionalmente es miembro del Comité de Evaluación Científica del Programa para el Sistema de Banca de Desarrollo, SBD & PROCOMER, Costa Rica y revisor de artículos para revistas internacionales. Actualmente es Investigador Visitante en la Universidad de Barcelona debido a una beca de investigación financiada por el prestigioso grupo de la Unión Europea conocido como Coimbra Group Universities.

Mi investigación actual se basa en un área pionera interdisciplinaria en nuestro país dedicada a la Biofísica y Biología Computacional, Quimiinformática, Diseño de Fármacos e Inteligencia Artificial. Actualmente cuento con proyectos como investigador asociado en temas de péptidos antimicrobianos (fondos semilla), química ambiental computacional (Coimbra Group Universities) y otro del MICITT de la llamada de COVID-19. Mi investigación se basa en el desarrollo de modelos teóricos para la descripción del efecto del disolvente en sistemas moleculares y biomoleculares. Soy parte del grupo desarrollador de modelos de solvatación en colaboración con el Dr. Carles Curutchet y el Dr. Luque de la U. Barcelona y recibe el nombre de modelo IEFPCM/MST y está implementado en uno de los programas más populares de química computacional, Gaussian Inc. (<https://gaussian.com/>). Este programa ha sido validado como uno de los más confiables a nivel mundial, esto gracias a las publicaciones internacionales que han usado nuestro método y a las evaluaciones a ciegas que los "SAMPL Challenge" (<https://www.sAMPLchallenges.org/>) han dado como resultado. En Costa Rica, hemos explorado otros modelos basados en inteligencia artificial para determinar la lipofiliidad de fármacos y con ello hemos logrado una beca de investigación del sistema de CeNAT-CONARE en colaboración con el CNCA para estudiantes de licenciatura.

Resumen de la ponencia

Análisis estructural, energético y lipofílico de la proteína no estructural 9 del SARS-CoV-2 (Nsp9)

William J. Zamora R. Ph. D^{1,2,3}

1. CBio³ Research Group, Associate Professor, School of Chemistry & Faculty of Pharmacy, University of Costa Rica
2. Associate Researcher, Advanced Computing Lab., National High Technology Center Pavas, San José, Costa Rica
3. Coimbra Group Research Fellow, Facultat de Farmàcia i Ciències de l'Alimentació, Campus de l'Alimentació de Torribera, Universitat de Barcelona

En la siguiente charla se abarcará el estudio de dinámica molecular atómica de la proteína no estructural 9 (Nsp9), perteneciente al complejo de replicación del SARS-CoV-2. La Nsp9 es una importante subunidad de unión de ARN en la maquinaria de síntesis de ARN. Las formas dimericas del coronavirus Nsp9 aumentan su afinidad de unión al ácido nucleico y el motivo N-finger parece jugar un papel crítico en la dimerización. Aquí, presentamos un estudio estructural, lipofílico y energético sobre el dímero Nsp9 del SARS-CoV-2 mediante métodos computacionales que complementan las escalas de hidrofobicidad de los aminoácidos con simulaciones de dinámica molecular. Además, presentamos una mutación virtual del N-finger para investigar si este motivo contribuye a la estabilidad del dímero. Los resultados revelan para el dímero nativo que el N-finger contribuye favorablemente a través de interacciones de enlace de hidrógeno y dos aminoácidos que se encuentran en la región hidrófoba, Leu45 y Leu106, son cruciales en la formación de la cavidad para la posible unión de potenciales fármacos. Por otro lado, Gly100 y Gly104, son responsables de estabilizar las hélices α y hacer que la interfaz del dímero permanezca estable tanto en sistemas nativos como mutantes (sin motivo N-finger). Además, los resultados de agrupamiento para el dímero nativo mostraron cavidades accesibles a las drogas. Adicionalmente, el análisis energético y lipofílico revela que la mayor energía de unión en el dímero nativo se puede deducir ya que es más lipofílico que el mutante, aumentando las interacciones no polares, lo cual está en línea con el resultado de MM-GBSA donde el término energético de van der Waals tiene el mayor peso en la estabilidad del dímero nativo. En general, proporcionamos un estudio detallado sobre el dímero Nsp9 del SARS-CoV-2 que puede ayudar en el desarrollo de nuevas estrategias para el tratamiento y la prevención de COVID-19.

Xinia Barrantes Rodríguez

Resumen del CV

-Licenciatura en Microbiología y Química Clínica, Universidad de Costa Rica, 2002. Maestría en Microbiología, Universidad de Costa Rica, 2009.

-Se desempeña como Perito Judicial en Genética Forense en la Sección de Bioquímica, Departamento de Ciencias Forenses, Poder Judicial de Costa Rica desde 2012 y como Auditora Interna en la Norma **INTE/ISO/IEC 17025:2017 desde 2014, y auditora externa de ANAB (ANSI National Accreditation Board) de la Norma INTE/ISO/IEC 17025:2017 desde 2018.**

PROYECTOS:

-Validación de kit ForenSeq FGx de Illumina Verogen y

-Estimación de las frecuencias alélicas de los marcadores del kit Forenseq en una muestra de Costa Rica

Resumen de la ponencia

Gracias al proyecto de Secuenciación del Genoma Humano se ha revolucionado la tecnología, el rendimiento de las reacciones y el análisis de datos de secuenciación de ADN, obteniéndose desde el 2015 con la posibilidad de contar con la tecnología de Secuenciación masiva en paralelo en los laboratorios. En la Sección de Bioquímica, Departamento de Ciencias Forenses, Poder Judicial se cuenta con el equipo MiSeq FGx de Illumina-Verogen y del kit ForenSeq FGx, el cual permite la amplificación simultanea de alrededor de 200 marcadores (27 STRs, 24 Y-STRs, 7 X-STRs, 95 SNPs de identidad y 24 SNPs de fenotipo y 56 SNPs de ancestría), en el caso de la Sección de Bioquímica se está utilizando los primers A que no toman en cuenta los SNPs de fenotipo y ancestría. La secuenciación masiva paralela presenta las ventajas respecto a la electroforesis capilar de que se pueden procesar gran cantidad de muestras en forma paralela, se obtienen datos de las secuencias de los STRs, alto poder de discriminación entre alelos, mayor efectividad en muestras degradadas y mayor discriminación en perfiles mezcla. Sin embargo, presenta las desventajas de que todavía no está definido la manera de reportar los resultados, la interpretación probabilística de las mezclas, la nomenclatura de las secuencias, falta incorporar las secuencias al CODIS, cambios en la Legislación y su alto costo. En la Sección de Bioquímica se tienen dos Proyectos: La validación de este kit y el estudio poblacional. Para la Validación de este kit tomando en cuenta los parámetros de límite de detección, reproducibilidad, exactitud, determinación de Umbrales (analítico, estocástico) y límite

de detección de proporción de contribuyentes en perfiles mezcla. Además, se está desarrollando un Proyecto para la Estimación de las frecuencias alélicas de los marcadores del kit Forenseq en una muestra de Costa Rica en conjunto con un estudiante de Microbiología de la Universidad de Costa Rica. Se espera utilizar esta técnica para casos complejos de paternidad, reconocimiento de personas desaparecidas y discriminación de perfiles mezcla.

Yendry Corrales

Resumen del CV

-PhD. Ciencia de Materiales con énfasis en nanotecnología, UNIVERSIDAD ESTATAL DE São Paulo Julho Mesquita Filho, Bauru, São Paulo, Brasil. Febrero de 2002 a diciembre de 2007.

-Ingeniera química, Universidad de Costa Rica, Costa Rica.

-EXPERIENCIA PROFESIONAL RECIENTE: Febrero 2021-en curso: Profesor del Instituto Tecnológico de Costa Rica TEC.

-Estudios de Maestría en Dispositivos Biomédicos.

-Cursos: Desarrollo de proyectos de investigación y materiales metálicos para dispositivos biomédicos. Mayo 2020.

-Investigadora en el Laboratorio Nacional de Nanotecnología LANOTEC, San José, Costa Rica. Abril 2018- Marzo 2020: Fellow National Center of Competence in Bioinspired Materials, Adolphe Merkle Institute, Bionanomaterials group, University of Fribourg, Switzerland.

-Premios: Beca Mujeres en la Ciencia, Centro Nacional de Competencia en Materiales Bioinspirados, Friburgo, Suiza, abril de 2018 a abril de 2020.

Resumen de la ponencia

Yendry R. Corrales- Ureña¹, Reinaldo Pereira¹, Fabricio Quirós Corella², Lidija Radenović³, José Vega-Baudrit^{1,2}

1. Laboratorio Nacional de Nanotecnología, Centro Nacional de Alta Tecnología (LANOTEC-CeNAT-CONARE), 1174-1200 Pavas, San José, Costa Rica
2. Laboratorio de Computación Avanzada, Centro Nacional de Alta Tecnología (CNCA-CeNAT-CONARE), 1174-1200 Pavas, San José, Costa Rica
3. Universidad de Belgrado, Serbia.

En la esclerosis lateral amiotrófica, la producción de IgG anti-neuronales es una característica importante del proceso inmunoinflamatorio. Las IgGs pueden afectar el funcionamiento de los astrocitos y astrocitos disfuncionales pueden repercutir en las funciones neuronales y provocar enfermedades degenerativas. En este proyecto estamos desarrollando modelos y protocolos celulares experimentales utilizando inmunoglobulinas (IgG) de sueros de pacientes para el diagnóstico de enfermedades neurodegenerativas. En este estudio, se tiene como objetivo determinar como influyen las IgGs en las propiedades estructurales y biomecánicas de los astrocitos con el fin de definir si estos cambios son relevantes para el diagnóstico. Mediante curvas de fuerza contra indentación se determinó el Módulo de Young de los astrocitos en contacto con las IgGs de pacientes enfermos y sanos. Se denota un incremento de 1.93 MPa a 83 MPa en los astrocitos en contacto con las IgGs de pacientes enfermos. No se denota un cambio significativo en el diámetro de las proteínas de la membrana, pero sí una tendencia a agregación. Mediante el uso de algoritmos de detección de contornos y tomando como parámetro la relación perímetro área se está en proceso de cuantificación de las microvellosidades en la superficie que son de suma importancia en el aumento de área de absorción, adhesión y comunicación.