



MARIELA MARTINEZ
GOMEZ

Sra

marielamartinezgomez@gmail.com
092628797

SNI

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas
Categorización actual: Nivel I (Activo)

Fecha de publicación: 02/06/2020
Última actualización: 23/12/2019

Datos Generales

INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Ministerio de Educación y Cultura/ Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable / División Biología Molecular y Genética - Departamento de Biología Molecular / Uruguay

DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

Institución: Ministerio de Educación y Cultura / Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable / Sector Gobierno/Público

/ División Biología Molecular y Genética - Departamento de Biología Molecular

Dirección: Avenida Italia, 3318 / 11600 / Montevideo, Montevideo, Uruguay

Teléfono: (+598) 2487-1616

Correo electrónico/Sitio Web: mgomez@iibce.edu.uy <http://www.iibce.edu.uy/>

Formación

Formación académica

CONCLUIDA

MBA

Pos graduación Executiva en Medio Ambiente (2011 - 2012)

Instituto Alberto Luiz Coimbra de Pós-Graduação e Pesquisa de Engenharia, Brasil

Título de la disertación/tesis/defensa: Qualidade das águas e vírus entéricos como marcadores moleculares de contaminação por esgoto

Tutor/es: Marcio de Souza Soares de Almeida

Obtención del título: 2012

Palabras Clave: gestión medio ambiente

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Tierra y relacionadas con el Medio Ambiente /

Ciencias de la Tierra y relacionadas con el Medio Ambiente / Gestión Ambiental

DOCTORADO

Programa de pos graduación en Biología Celular y Molecular (2010 - 2014)

Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Brasil

Título de la disertación/tesis/defensa: Diversidade genética dos Rotavírus da espécie A detectados antes e após a introdução da vacina monovalente no Brasil

Tutor/es: JOSE PAULO GAGLIARDI LEITE

Obtención del título: 2014

Financiación:

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro, Brasil

Palabras Clave: Rotavírus CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Epidemiología molecular Biología Molecular evolución secuenciamiento filogenia

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

MAESTRÍA

Programa de pos graduación en Biología Celular y Molecular (2007 - 2009)

Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Brasil

Título de la disertación/tesis/defensa: Análise filogenética dos genes que codificam as proteínas VP4, VP6, VP7 e NSP4 de amostras brasileiras de Rotavírus A, genótipo P[4],G2.

Tutor/es: Jose Paulo Gagliardi Leite

Obtención del título: 2009

Financiación:

Institu Oswaldo Cruz , Brasil

Palabras Clave: Rotavirus P[4]G2 VP4 VP6 VP7 e NSP4 Epidemiología molecular Evolución virus RNA Biología molecular

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

GRADO

Licenciatura en Ciencias Biológicas (2002 - 2006)

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

Título de la disertación/tesis/defensa: Cepas del virus de la Hepatitis C aisladas en Bolivia y

Colombia revelan mutaciones específicas características de la Región Sudamericana

Tutor/es: Juan Cristina

Obtención del título: 2007

Palabras Clave: Hepatitis C Evolución viral diversidad genética secuenciamiento PCR

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Formación complementaria

CONCLUIDA

POSDOCTORADOS

Beca de estadía postdoctoral en Brasil - Programa CAPES: Plano Nacional de Enfrentamiento al Aedes Aegypti y a la Microcefalia (2016 - 2018)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz /

Laboratório de Biología Molecular de Flavivirus , Brasil

Financiación:

CAPES , Brasil

Palabras Clave: zika epidemiología molecular biología molecular virus de la fiebre amarilla evolución de virus RNA caracterización molecular

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Postdoctorado Nota 10 (PDR10) (2015 - 2016)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz , Brasil

Financiación:

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro , Brasil

Palabras Clave: virus entéricos evolución de virus RNA epidemiología molecular biología molecular

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Postdoctorado Junior (PDJ) (2014 - 2015)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz , Brasil

Financiación:

CNPq , Brasil

Palabras Clave: rotavirus evolución de virus RNA epidemiología molecular biología molecular

Areas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

CURSOS DE CORTA DURACIÓN

Next generation sequencing technologies for viral metagenomic analyses (09/2016 - 09/2016)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Sociedad Brasileira de Virologia , Brasil

Palabras Clave: Next generation sequencing virus biología molecular

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / secuenciamiento de tercera generación

Gestão de projetos (01/2014 - 01/2014)

Sector Extranjero/Internacional/Enseñanza superior / Fundação Getúlio Vargas - RJ , Brasil
30 horas

Curso sobre NORMA ISO/IEC 17025:2005 en laboratorio de ensayo y calibración. (01/2013 - 01/2013)

Sector Gobierno/Público / Laboratorio Tecnológico del Uruguay / Laboratorio Tecnológico del Uruguay , Uruguay
20 horas

17th International bioinformatics workshop on virus evolution and molecular epidemiology (01/2012 - 01/2012)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / KU Leuven , Bélgica

V Curso de biossegurança em laboratórios de pesquisa biomédica. Módulo Risco Biológico (01/2010 - 01/2010)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Oswaldo Cruz , Brasil
27 horas

V Curso de biossegurança em laboratórios de pesquisa biomédica. Módulo Experimentação animal. (01/2010 - 01/2010)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Oswaldo Cruz , Brasil
32 horas

V Curso de biossegurança em laboratórios de pesquisa biomédica. Módulo Risco Físico. (01/2010 - 01/2010)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Oswaldo Cruz , Brasil
18 horas

Replicative and Evolutionary Aspects of Hepatitis viruses (01/2007 - 01/2007)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay

Curso regional de capacitación sobre buenas prácticas de laboratorio aplicadas a laboratorio de biología molecular (01/2006 - 01/2006)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Nacional de Salud , Perú

Genómica e Introducción a las herramientas de bioinformática (PEDECIBA) (01/2005 - 01/2005)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Phylogeny and Evolution o Viruses (ICGEB-PAHO-RELAB) (01/2005 - 01/2005)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay

Curso de técnicas moleculares y radioisotópicas aplicadas al diagnóstico de patologías humanas (01/2005 - 01/2005)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias - UDeLaR , Uruguay

Biodiversidad y Conservación (01/2004 - 01/2004)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Veterinaria - UDeLaR , Uruguay

Etología: el estudio del comportamiento animal. (01/2004 - 01/2004)

PARTICIPACIÓN EN EVENTOS

Workshop El arte de la comunicación científica (2019)

Tipo: Taller

Institución organizadora: ASM, Uruguay

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Otras Ciencias Naturales / Otras Ciencias Naturales / Comunicación Científica

V Jornada Uruguaya de Fitopatología III Jornada Uruguaya de Protección Vegetal (2019)

Tipo: Otro

Institución organizadora: Sociedad Uruguaya de Fitopatología - SUFIT, Uruguay

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Agricultura, Silvicultura y Pesca / Agricultura /

Jornada RNA Salon Uruguay (2019)

Tipo: Otro

Institución organizadora: Instituto Pasteur, Uruguay

Areas de conocimiento:

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

Mesa redonda: Womens in Microbiology (2019)

Tipo: Otro

Institución organizadora: American Society of Microbiology - ASM, Uruguay

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología /

II Jornadas de la Red Interinstitucional de Metagenómica Ambiental (RIMA) (2019)

Tipo: Otro

Palabras Clave: metagenomica medio ambiente

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología Celular, Microbiología /

Workshop Writing a Scientific Paper. (2018)

Tipo: Otro

Institución organizadora: Instituto Oswaldo Cruz, Fiocruz, Brasil

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Escrita de artículos científicos

QIAday Sequenciamento de nova geração (NGS) (2017)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: QIAGEN Biotecnologia, Brasil

Painel Febre Amarela: Monitoramento de epizootias no estado do Rio de Janeiro. (2017)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Instituto Oswaldo Cruz - Fiocruz, Brasil

III Simpósio Internacional de Imunobiológicos. Instituto de Tecnologia em Imunobiológicos (2016)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: Bio-Manguinhos / Fiocruz, Brasil

XXVII Congresso Brasileiro de Virologia, XI Encontro de Virologia do Mercosul (2016)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: Sociedade Brasileira de Virologia, Brasil

Workshop: Arboviroses emergentes: Chikungunya e Zika - III Simpósio Internacional de Imunobiológicos. Instituto de Tecnologia em Imunobiológicos (2016)

Tipo: Otro

Institución organizadora: Bio-Manguinhos / Fiocruz, Brasil

12th International Rotavirus Symposium, Melbourne, Australia. (2016)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: Sabin, Australia

II DSSA Debate-Praias limpas e emissão de emissários submarinos de esgotos, problema ou solução? (2015)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Departamento de saneamento e saúde ambiental, Escola Nacional de Saúde Pública Sergio Aroucena / Fiocruz, Brasil

II Seminário Anual Científico e Tecnológico em Imunobiológicos (2014)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: Bio-Manguinhos / Fiocruz, Brasil

II Simpósio Hermann Schatzmayr de Virologia (2013)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: Instituto Oswaldo Cruz - Fiocruz, Brasil

II Simposio Latinoamericano de Virología Ambiental (2013)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: UdelaR, Uruguay

X Congreso Argentino de Virología, III Simposio de virología clínica, I Simposio de virología veterinaria (2011)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: Asociación Argentina de Microbiología - AAM, Argentina

4th European Rotavirus Biology Symposium (2011)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: Sabin / GSK / Universidad de Roma, Italia

Harnessing Nature's Powerful Sequencing Engine: Single-Molecular Real-time DNA Sequencing (2010)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Uniscience / Fiocruz, Brasil

I Latin American Symposium of Environmental Virology (2010)

Tipo: Simposio

Institución organizadora: Instituto Oswaldo Cruz - Fiocruz, Brasil

Técnicas inovadoras para concentração de amostras (2010)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: GeneVac / Fiocruz, Brasil

Herpesvirus based vaccines against rotavirus infection HEVAR Conference day (2009)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Instituto Oswaldo Cruz, Brasil

XX Encontro Nacional de Virologia. Brasília, Brasil. (2009)

Tipo: Encuentro

Institución organizadora: Sociedade Brasileira de Virologia, Brasil

XIX National Meeting of Virology (2008)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: Sociedade Brasileira de Virologia. SBV, Brasil

Avanços em Engenharia de Proteínas e Síntese de Peptídeos (2008)

Tipo: Otro

Institución organizadora: IOC / FIOCRUZ, Brasil

IV Escola de Modelagem Molecular em Sistemas Biológicos (2008)

Tipo: Encuentro
Institución organizadora: LNCC, Brasil

XIV Jornadas de Jóvenes Investigadores de la AUGM (2006)

Tipo: Encuentro
Institución organizadora: AUGM, Uruguay

I Seminario Biomédico del Instituto Pasteur de Montevideo (2006)

Tipo: Seminario
Institución organizadora: Instituto Pasteur, Uruguay

V Jornadas de Bioquímica y Biología Molecular (2006)

Tipo: Encuentro
Institución organizadora: SBBM, Uruguay

VIII Congreso Argentino de Virología (2005)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: Sociedad Argentina de Virología, Argentina

OTRAS INSTANCIAS

Curso Gestión de la calidad en los laboratorios - Unidad de Educación Permanente, Fcien (2019)

Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Otras Ciencias Naturales / Otras Ciencias Naturales /

Curso Genómica - Facultad de Ciencias, Udelar (2019)

Uruguay
Palabras Clave: genes bioinformática RNASeq Ómicas
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

EN MARCHA

POSDOCTORADOS

Postdoctorado IIBCE (2019)

Sector Gobierno/Público / Ministerio de Educación y Cultura / Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable / ?División Biología Molecular y Genética - Departamento de Biología Molecular , Uruguay
Financiación:
Ministerio de Educación y Cultura / Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable , Uruguay
Palabras Clave: virus Y de la papa epidemiología molecular caracterización molecular genoma caracterización biológica Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Químicas / Ciencias Químicas /
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Virología
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Genómica

Idiomas

Portugués

Entiende muy bien / Habla muy bien / Lee muy bien / Escribe muy bien

Español

Entiende muy bien / Habla muy bien / Lee muy bien / Escribe muy bien

Inglés

Entiende muy bien / Habla bien / Lee muy bien / Escribe bien

Áreas de actuación

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas /Bioquímica y Biología Molecular /Virología

CIENCIAS MÉDICAS Y DE LA SALUD

Ciencias de la Salud /Enfermedades Infecciosas /Virología

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Químicas /Ciencias Químicas

CIENCIAS AGRÍCOLAS

Otras Ciencias Agrícolas /Otras Ciencias Agrícolas /Fitopatógenos

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas /Biología y Biología de la Evolución /Genómica

Actuación profesional

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PÚBLICO - PROGRAMA DE DESARROLLO DE LAS CIENCIAS BÁSICAS - URUGUAY

Área Química (PEDECIBA)

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (07/2019 - a la fecha)

Investigador Grado 3 ,1 hora semanal

SECTOR GOBIERNO/PÚBLICO - MINISTERIO DE EDUCACIÓN Y CULTURA - URUGUAY

Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable / División Biología Molecular y Genética - Departamento de Biología Molecular

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (01/2019 - a la fecha) Trabajo relevante

Posdoctorado ,40 horas semanales / Dedicación total

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Caracterización biológica y molecular del virus Y de la papa en cultivares de papa (*Solanum tuberosum*) en Uruguay y diseño de herramientas de diagnóstico molecular para detección y caracterización del virus. (01/2019 - a la fecha)

La papa (*Solanum tuberosum*), cultivada a nivel mundial, constituye el tercer cultivo en importancia luego del trigo y el arroz. Es susceptible a una serie de enfermedades que reducen el rendimiento y la calidad de los tubérculos. Se han identificado más de 40 virus que la afectan, siendo el de mayor importancia a nivel mundial el virus Y de la papa (Potato Virus Y- PVY). El PVY pertenece a la familia Potyviridae, género Potyvirus, es el agente causal de la enfermedad denominada mosaico severo o mosaico rugoso, responsable de importantes pérdidas en el cultivo. Más del 90% de las variedades cultivadas en Uruguay son susceptibles al PVY, entre otras virosis. Este virus se caracteriza por una gran variabilidad genética, últimamente se han encontrado genomas recombinantes de PVY que pueden tener efectos más negativos en los cultivares de papa que las "no recombinantes". Este proyecto tiene como objetivo, por un lado, caracterizar las variantes del PVY que circulan en nuestro país. El último relato científico de virus en papa en nuestro país data de 1983. A partir de sintomatología obtenida por inoculación en distintas solanáceas, se realizará su caracterización biológica, y con la secuenciación del genoma completo, su caracterización molecular y filogenia en relación a cepas ya caracterizadas a nivel mundial. Por otro lado, con base en estos datos se

diseñarán metodologías moleculares de diagnóstico que permitan simultáneamente una rápida detección y caracterización molecular de las cepas de PVY en Uruguay, y en otras regiones. Estas herramientas podrán ser transferidas a los servicios oficiales de protección vegetal así como a empresas nacionales dedicadas al diagnóstico fitopatológico.

Mixta

40 horas semanales

División Biología Molecular y Genética - Departamento de Biología Molecular , Integrante del equipo

Equipo: Mariela MARTINEZ GOMEZ , Inés PONCE DE LEÓN TADEO , Peyrou M

Palabras clave: genoma PVY secuenciación Uruguay detección y diagnóstico

Áreas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Otras Ciencias Agrícolas / Otras Ciencias Agrícolas / Fitopatógenos

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Estudio de la presencia, prevalencia y distribución de virus en cultivares de papa (*Solanum tuberosum*) en Uruguay. (10/2019 - a la fecha)

La papa (*Solanum tuberosum*), cultivada a nivel mundial, constituye el tercer cultivo en importancia luego del trigo y el arroz. En Uruguay, es el cultivo hortícola con mayor superficie, volumen y valor de producción. La papa es susceptible a una serie de enfermedades que reducen el rendimiento y la calidad de los tubérculos. Se han identificado más de 40 virus que la afectan, siendo el virus Y de la papa (PVY) el de mayor importancia a nivel mundial. El último relato científico en el que se estudió la presencia de virus en el cultivo, en nuestro país, data de 1983 y en el mismo se relata la presencia de diversos virus de importancia fitosanitaria, como el PVY, el virus X de la papa (PVX), el virus S de la papa (PVS), el virus M de la papa (PVM), el virus del enrollado de la hoja de la papa (PLRV), el virus del mosaico aucuba de la papa (PAMV), y el virus del mosaico de la alfalfa (AMV). La presencia de virus en los cultivares de papa se determina generalmente mediante inspecciones visuales de las plantas en el campo, obedeciendo a criterios subjetivos del evaluador. En los programas de certificación de papa semilla se realizan inspecciones visuales durante el cultivo, y además a un determinado número de tubérculos del lote a certificar se los somete a pruebas serológicas mediante la técnica de ELISA para detección de los virus PLRV, PVY y PVX. Sin embargo, esta técnica tiene restricciones de sensibilidad y de diferenciación de variantes virales. Es importante resaltar que visualmente diversos virus causan los mismos síntomas en plantas de papa, y que los síntomas causados por el mismo virus pueden variar dependiendo la cepa viral, la variedad cultivada, las condiciones del ambiente, la presencia o ausencia de áfidos, etc. Contrastando con los métodos serológicos, los métodos de detección viral basados en ácidos nucleicos son altamente sensibles, de rápida ejecución y permiten el diagnóstico simultáneo de diferentes virus. Este proyecto tiene como objetivo, por un lado, determinar la presencia, prevalencia y distribución de los principales virus que afectan la papa en las diferentes zonas paperas de nuestro país; Por otro lado, con base en estos datos se diseñarán metodologías moleculares de diagnóstico (RT-MultiplexPCRs) que permitan una identificación precisa, sensible y rápida de los virus que afectan el cultivo en el Uruguay. Estas herramientas podrán ser transferidas a los servicios oficiales de protección vegetal así como a empresas nacionales dedicadas al diagnóstico fitopatológico. Determinar qué virus infectan la papa en nuestro país nos permitirá realizar el correcto control y manejo de los problemas fitosanitarios que enfrentamos hoy en día, y permitirá que nos anticipemos a los nuevos desafíos que podemos enfrentar en el futuro en relación a estos fitopatógenos.

20 horas semanales

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

Financiación:

Dirección para el desarrollo de la ciencia y el conocimiento, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: Mariela MARTINEZ GOMEZ (Responsable) , Colina , Benítez Galeano , Mir , Peyrou

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Vegetal

EXTENSIÓN

Recepción de visitas escolares en el IIBCE, actividad didáctica en el laboratorio. (05/2019 - a la fecha)

2 horas

Áreas de conocimiento:

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

Participación en el marco del aniversario del Prof. Clemente Estable y de la Semana de la Ciencia y la Tecnología - Actividades con niños de escuela / Enseñando sobre el ADN (01/2019 - a la fecha)

4 horas

Áreas de conocimiento:

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

SECTOR EXTRANJERO/INTERNACIONAL/OTROS - BRASIL

Instituto Oswaldo Cruz / Ministério de Saúde Pública - MSP

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Otro (02/2014 - 12/2018) Trabajo relevante

Becaria de Post-doctorado ,40 horas semanales / Dedicación total

Becario (02/2010 - 01/2014)

Estudiante de Doctorado ,40 horas semanales / Dedicación total

Becario (09/2007 - 10/2009)

Estudiante de Maestría ,40 horas semanales / Dedicación total

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Programa CAPES: Plano Nacional de Enfrentamiento al Aedes Aegypti y a la Microcefalia. (01/2016 - 12/2018)

Desarrollar investigación científica en el área del postdoctorado propuesta (caracterización molecular, detección y diagnóstico, epidemiología molecular del virus Zika) y otras áreas relacionadas al laboratorio. Ministrar cursos y conferencias, orientar alumnos de iniciación científica, publicar artículos científicos, participar de seminarios científicos, ayudar con el entrenamiento de los recursos humanos que ingresen al laboratorio.

40 horas semanales

Laboratorio de Biología Molecular de Flavivirus, Instituto Oswaldo Cruz - IOC , Integrante del equipo

Equipo: BONALDO , LOURENCO-DE-OLIVEIRA

Palabras clave: Zika Diversidad genética Filogenia fiebre amarilla genoma filogeografía epidemiología molecular

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias de la Computación e Información / Ciencias de la Información y Bioinformática /

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

Caracterización molecular, detección, diagnóstico y epidemiología molecular de rotavirus de la especie A (09/2007 - 09/2016)

Desarrollar investigación científica en el área del postdoctorado propuesta (caracterización molecular, detección, diagnóstico y epidemiología molecular de rotavirus) y otras áreas relacionadas al laboratorio. Ministrar cursos y conferencias, orientar alumnos de iniciación científica, publicar artículos científicos, participar de seminarios científicos, ayudar con el entrenamiento de los recursos humanos que ingresen al laboratorio.

40 horas semanales

Laboratorio de Virología Comparada e Ambiental, Laboratorio de Referencia R, Instituto Oswaldo Cruz - IOC , Integrante del equipo

Equipo: GAGLIARDI LEITE , COLINA , Luis Fernando LÓPEZ TORT , Volotao EM , Juan CRISTINA GHERALDI

Palabras clave: Rotavirus Diversidad genética Filogenia secuenciación genoma completo diagnóstico

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

DOCENCIA

Pos graduación Stricto sensu en Biología Celular y Molecular / Pos graduación Stricto sensu en Biología Parasitaria (01/2008 - 12/2017)

Doctorado

Invitado

Asignaturas:

Dinâmica das Gastrenterites Agudas de Etiologia Viral, 2 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ciencias Biológicas / Virología

Curso Técnico em Biotecnologia / IOC - Fiocruz (01/2016 - 12/2016)

Grado

Invitado

Asignaturas:

Virología, 2 horas, Teórico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ciencias Biológicas / Virología

Curso de verao - Metodologias aplicadas ao estudo das infeções virais. (01/2011 - 12/2011)

Grado

Invitado

Asignaturas:

Metodologias aplicadas ao estudo das infeccoes virais, 2 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ciencias Biológicas / Virología

CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: 5 horas

Carga horaria de investigación: 40 horas

Carga horaria de formación RRHH: 10 horas

Carga horaria de extensión: 5 horas

Carga horaria de gestión: Sin horas

Producción científica/tecnológica

Es fundamental conocer las cepas de virus del PVY circulantes en las diferentes zonas paperas de nuestro país para minimizar la incidencia del mismo de forma eficaz y disminuir su impacto económico. Con este objetivo estamos realizando estudios de caracterización biológica, molecular y filogenética de las cepas del PVY circulantes en los cultivares de papa en el Uruguay. Con base en los datos de secuencias obtenidos iremos diseñar una herramienta de diagnóstico molecular que permita de forma conjunta la detección y caracterización del virus. La aplicación de esta herramienta permitirá la rápida caracterización de las cepas de PVY circulantes. Pretendemos contribuir para disminuir de forma significativa los efectos perjudiciales del PVY en el rendimiento y la calidad de los tubérculos nacionales, así como en reducir la importación de tubérculos y papa semilla, y por consiguiente, limitar el posible ingreso de nuevas enfermedades a nuestro país.

Producción bibliográfica

ARTÍCULOS PUBLICADOS

ARBITRADOS

The evolving epidemiology of rotavirus A infection in Brazil a decade after the introduction of universal vaccination with Rotarix® (Completo, 2019)

Carvalho-Costa FA , de Assis RMS, Fialho AM , Araújo IT , Silva MF , Gomez MM , Andrade JS , Rose TL , Fumian TM , Volotão EM , Miagostovich MP , Leite JPG

BMC Pediatrics, v.: 19 42 , p.:1 - 10, 2019

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Epidemiología de rotavirus

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 14712431

DOI: [10.1186/s12887-019-1415-9](https://doi.org/10.1186/s12887-019-1415-9)

<https://bmcpediatr.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12887-019-1415-9>

Background: Brazil introduced the monovalent rotavirus vaccine (Rotarix®) in 2006. This study aimed to assess the epidemiology and genotype distribution of species-A rotavirus (RVA) in Brazil, comparing the pre- and postvaccination periods. Methods: Laboratory-based RVA surveillance included 866 municipalities in 22 Brazilian states, over a 21-year period. A total of 16,185 children with diarrheal diseases (DD) aged up to 12 years between 1996 and 2005 (pre-vaccination period, n = 7030) and from 2006 to 2017 (post-vaccination period, n = 9155) were enrolled. RVA was detected using ELISA immune assay and/or polyacrylamide gel electrophoresis and genotyped using nested PCR and/or nucleotide sequencing. RVA-positivity and genotypes detection rates were compared in distinct periods and age groups and Rotarix vaccination status. Results: RVA-positivity in pre- and post-vaccination periods was, respectively: 4?11 months bracket, 33.3% (668/2006) and 16.3% (415/2547) (p < 0.001); 12?24 months, 28.2% (607/2154) and 22.2% (680/3068) (p < 0.001); 25?48 months, 17.4% (215/1235) and 29.4% (505/1720) (p < 0.001). Genotypes distribution in the pre- and post-vaccination periods was, respectively: G1P [8]/G1P[Not Typed], 417/855 (48.8%) and 118/1835 (6.4%) (p < 0.001); G2P [4]/G2P[NT], 47/855 (5.5%) and 838/1835 (45.7%) (p < 0.001); G3P [8]/G3P[NT], 55/855 (6.4%) and 253/1835 (13.8%) (p < 0.001); G9P [8]/G9P[NT], 238/855 (27.8%) and 152/1835 (8.3%) (p < 0.001); G12P [8]/G12P[NT], 0/871 (0%) and 249/1835(13.6%) (p < 0.001). Concerning infants aged 4?11 months, RVA frequency in fully vaccinated and non-vaccinated individuals was 11.9% (125/ 1052) and 24.5% (58/237) (p < 0.001), respectively. In children aged 12?24 months, RVA detection rate was 18.1% (253/ 1395) and 29.6% (77/260) (p < 0.001), for the vaccinated and non-vaccinated individuals, respectively (p < 0.001). Conclusions: RVA infection was significantly less frequent in children aged ?2 years with DD after implementing vaccination, mainly among vaccinated children. It was also observed a decrease of P [8] circulation and emergence of G2P[4] in 2005, and afterwards in the post-vaccine era, with spreading of G12P[8] in 2014?2015 and of G3P[8] in 2017. Continuous RVA surveillance must be carried out in this scenario.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Haemagogus leucocelaenus and Haemagogus janthinomys are the primary vectors in the major yellow fever outbreak in Brazil, 2016-2018 (Completo, 2019)

Abreu FS, Ribeiro I, Brito AF, Santos A, Miranda R, Gomez MM, Bonaldo M, Lourenco-de-Oliveira R

Emerging Microbes & Infections, v.: 8 1, p.:218 - 231, 2019

Palabras clave: Yellow fever; Atlantic forest; Haemagogus; Aedes; Sabethes

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 22221751

DOI: [10.1080/22221751.2019.1568180](https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1568180)

<https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/22221751.2019.1568180>

The yellow fever virus (YFV) caused a severe outbreak in Brazil in 2016?2018 that rapidly spread across the Atlantic Forest in its most populated region without viral circulation for almost 80 years. A comprehensive entomological survey combining analysis of distribution, abundance and YFV natural infection in mosquitoes captured before and during the outbreak was conducted in 44 municipalities of five Brazilian states. In total, 17,662 mosquitoes of 89 species were collected. Before evidence of virus circulation, mosquitoes were tested negative but traditional vectors were alarmingly detected in 82% of municipalities, revealing high receptivity to sylvatic transmission. During the outbreak, five species were found positive in 42% of municipalities. *Haemagogus janthinomys* and *Hg. leucocelaenus* are considered the primary vectors due to their large distribution combined with high abundance and natural infection rates, concurring together for the rapid spread and severity of this outbreak. *Aedes taeniorhynchus* was found infected for the first time, but like *Sabethes chloropterus* and *Aedes scapularis*, it appears to have a potential local or secondary role because of their low abundance, distribution and infection rates. There was no evidence of YFV transmission by *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti*, although the former was the most widespread species across affected municipalities, presenting an important overlap between the niches of the sylvatic vectors and the anthropic ones. The definition of receptive areas, expansion of vaccination in the most affected age group and exposed populations and the adoption of universal vaccination to the entire Brazilian population need to be urgently implemented.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Distinct YFV Lineages Co-circulated in the Central-Western and Southeastern Brazilian Regions From

2015 to 2018 (Completo, 2019)

Delatorre , Santos de Abreu , Pereira Ribeiro , Gomez MM , Araújo Cunha dos Santos , Ferreira-de-Brito , Santos Neves , Bonelly , Moraes de Miranda , Dias Furtado , Menezes Souza Raphael , Fernandes da Silva , Gonçalves de Castro , Garkauskas Ramos , Martins Romano , Kallás , Paulo Vicente , Bello , Lourenço-de-Oliveira , Cristina Bonaldo
Frontiers in Microbiology, v.: 10 p.:1 - 12, 2019

Palabras clave: yellow fever Brazilian outbreak lineages amino acid changes phylogeography

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 1664302X

DOI: [10.3389/fmicb.2019.01079](https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01079)

<https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fmicb.2019.01079>

The current outbreak of yellow fever virus (YFV) that is afflicting Brazil since the end of 2016 probably originated from a re-introduction of YFV from endemic areas into the non-endemic Southeastern Brazil. However, the lack of genomic sequences from endemic regions hinders the tracking of YFV's dissemination routes. We assessed the origin and spread of the ongoing YFV Brazilian outbreak analyzing a new set of YFV strains infecting humans, non-human primates (NHPs) and mosquitoes sampled across five Brazilian states from endemic and non-endemic regions between 2015 and 2018. We found two YFV sub-clade 1E lineages circulating in NHP from Goiás state (GO), resulting from independent viral introductions into the Araguaia tributary river basin: while the strain from 2017 clustered intermingled with Venezuelan YFV strains from 2000, the YFV strain sampled in 2015 clustered with sequences of the current YFV outbreak in the Brazilian Southeastern region (named YFV2015?2018 lineage), displaying the same molecular signature associated to the current YFV outbreak. After its introduction in GO at around mid-2014, the YFV2015?2018 lineage followed two paths of dissemination outside GO, originating two major YFV sub-lineages: (1) the YFVMG/ES/RJ sub-lineage spread sequentially from the eastern area of Minas Gerais state to Espírito Santo and then to Rio de Janeiro states, following the Southeast Atlantic basin; (2) the YFVMG/SP sub-lineage spread from the southwestern area of Minas Gerais to the metropolitan region of São Paulo state, following the Paraná basin. These results indicate the ongoing YFV outbreak in Southeastern Brazil originated from a dissemination event from GO almost 2 years before its recognition at the end of 2016. From GO this lineage was introduced in Minas Gerais state at least two times, originating two sub-lineages that followed different routes toward densely populated areas. The spread of YFV outside endemic regions for at least 4 years stresses the imperative importance of the continuous monitoring of YFV to aid decision-making for effective control policies aiming the increase of vaccination coverage to avoid the YFV transmission in densely populated urban centers.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

G26P[19] rotavirus A strain causing acute gastroenteritis in the American continent. (Completo, 2018)

Trabajo relevante

Gomez MM , da Silva MFM , Fialho AM , Mazzoco CS , Rocha MS , Leite JPG
Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, v.: 113 12 , p.:1 - 4, 2018

Palabras clave: rotavirus A G26P19 American continent genome constellation gastroenterite reassortment

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 00740276

DOI: [10.1590/0074-02760180344](https://doi.org/10.1590/0074-02760180344)

<http://memorias.ioc.fiocruz.br/>

In Brazil, the rotavirus A genotype G26 was first identified in suckling piglets, while the P[19] genotype has not been identified in any animal species so far. This report details the genetic characterisation of a G26P[19] RVA strain detected from an eight year-old child, vaccinated with Rotarix®, hospitalised with acute diarrhoeal disease in Rio de Janeiro in 2015. Most likely, the genome constellation (I5-R1-C1-M1-A8-N1-T1-E1-H1) observed in the G26P[19] Brazilian strain was a result of interspecies transmission events between humans and pigs. In addition, a rearrangement in the NSP5 gene was observed downstream of the 3' non-coding region.

Scopus® WEB OF SCIENCE™  

Genomic and structural features of the yellow fever virus from the 2016-2017 Brazilian outbreak

(Completo, 2017) [Trabajo relevante](#)

Gomez MM , Abreu FVS , Santos AACD , Mello IS , Santos MP , Ribeiro IP , Ferreira-de-Brito A , Miranda RM , Castro MG , Ribeiro MS , Laterrière Junior RDC , Aguiar SF , Meira GLS , Antunes D , Torres PHM , Mir D , Vicente ACP , Guimarães ACR , Caffarena ER , Bello G , Lourenço-de-Oliveira R , Bonaldo MC

Journal of General Virology, v.: 99 4 , p.:536 - 548, 2017

Palabras clave: Yellow fever virus 2016-2017 Brazilian outbreak amino acid changes genetic diversity evolution

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 00221317

DOI: [10.1099/jgv.0.001033](https://doi.org/10.1099/jgv.0.001033)

Southeastern Brazil has been suffering a rapid expansion of a severe sylvatic yellow fever virus (YFV) outbreak since late 2016, which has reached one of the most populated zones in Brazil and South America, heretofore a yellow fever-free zone for more than 70 years. In the current study, we describe the complete genome of 12 YFV samples from mosquitoes, humans and non-human primates from the Brazilian 2017 epidemic. All of the YFV sequences belong to the modern lineage (sub-lineage 1E) of South American genotype I, having been circulating for several months prior to the December 2016 detection. Our data confirm that viral strains associated with the most severe YF epidemic in South America in the last 70 years display unique amino acid substitutions that are mainly located in highly conserved positions in non-structural proteins. Our data also corroborate that YFV has spread southward into Rio de Janeiro state following two main sylvatic dispersion routes that converged at the border of the great metropolitan area comprising nearly 12 million unvaccinated inhabitants. Our original results can help public health authorities to guide the surveillance, prophylaxis and control measures required to face such a severe epidemiological problem. Finally, it will also inspire other workers to further investigate the epidemiological and biological significance of the amino acid polymorphisms detected in the Brazilian 2017 YFV strains.

[Scopus](#) [WEB OF SCIENCE](#)

Genome analysis of yellow fever virus of the ongoing outbreak in Brazil reveals polymorphisms.

(Completo, 2017) [Trabajo relevante](#)

BONALDO MC , Gomez MM , DOS SANTOS AA , Abreu FVS , FERREIRA-DE-BRITO A , MIRANDA RM , CASTRO MG , LOURENCO-DE-OLIVEIRA R

Memorias do Instituto Oswaldo Cruz (E), v.: 112 6 , p.:447 - 451, 2017

Palabras clave: Yellow fever NS3 NS5 polymorphisms Brazil 2017

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virus de la Fiebre Amarilla

ISSN: 16788060

DOI: [10.1590/0074-02760170134](https://doi.org/10.1590/0074-02760170134)

The current yellow fever outbreak in Brazil is the most severe one in the country in recent times. It has rapidly spread to areas where YF virus (YFV) activity has not been observed for more than 70 years and vaccine coverage is almost null. Here, we sequenced the whole YFV genome of two naturally infected howler-monkeys (*Alouatta clamitans*) obtained from the Municipality of Domingos Martins, state of Espírito Santo, Brazil. These two ongoing-outbreak genome sequences are identical. They clustered in the 1E sub-clade (South America genotype I) along with the Brazilian and Venezuelan strains recently characterised from infections in humans and non-human primates that have been described in the last 20 years. However, we detected eight unique amino acid changes in the viral proteins, including the structural capsid protein (one change), and the components of the viral replicase complex, the NS3 (two changes) and NS5 (five changes) proteins, that could impact the capacity of viral infection in vertebrate and/or invertebrate hosts and spreading of the ongoing outbreak.

[Scopus](#) [latindex](#)

G1P[8] species A rotavirus over 27 years-pre- and post-vaccination eras-in Brazil: full genomic constellation analysis and no evidence for selection pressure by Rotarix® vaccine. (Completo, 2015)

DA SILVA MF , ROSE TL , Gomez MM , CARVALHO-COSTA FA , FIALHO AM , ASSIS RM , ANDRADE J DA S , VOLOTÃO EM , LEITE JPG

Infection, Genetics and Evolution, v.: 30 p.:206 - 218, 2015

Palabras clave: Acute gastroenteritis G1P[8] genomic constellation Reassortment Rotarix vaccine Species A rotavirus

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus de la especie A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2014.12.030](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.12.030)

Epidemiological data on species A rotavirus (RVA) infections have demonstrated the genetic diversity of strains circulating worldwide. Many G and P genotype combinations have been described over the years, varying regionally and temporally, especially in developing countries. However, the most common G and P genotype combinations identified in RVA human strains worldwide are G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8] and G9P[8]. RVA genotype G1P[8] strains are responsible for more than 50% of child infections worldwide and component of the two vaccines (Rotarix® [RV1] and RotaTeq® [RV5]) licensed globally. For a better understanding of the evolutionary mechanisms of this genotype in Brazil, phylogenetic analyses based on the 11 RVA genome segments (genomic constellation) from 90 G1P[8] RVA strains collected in two eras - (i) pre-vaccination with RV1 (1996-February 2006); (ii) post-vaccination (March 2006-2013) - in different Brazilian states were performed. The results showed the Wa-like genomic constellation of the Brazilian G1P[8] strains with a I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1 specificity, except for two strains (rj14055-07 and ba19030-10) that belong to a I1-R1-C1-M1-A1-N1-T3-E1-H1 genomic constellation, evidencing the occurrence of reassortment (Wa-like×AU-1-like) of the NSP3 gene. Reassortment events were also demonstrated between Brazilian G1P[8] strains and the RV1 vaccine strain in some genes in vaccinated and unvaccinated children. VP7 and VP8* antigenic site analysis showed that the amino acid substitutions observed in samples collected after the introduction of RV1 in Brazil were already detected in samples collected in the 1980s and 1990s, suggesting that mass Brazilian RV1 vaccination had no impact on the diversity observed inside antigenic sites for these two proteins.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Environmental Assessment of Classical Human Astrovirus in Uruguay (Completo, 2015)

LIZASOAIN A , TORT LF , GARCIA M , Gomez MM , CRISTINA J , LEITE JPG , MIAGOSTOVICH MP , VICTORIA M , COLINA R

Food and Environmental Virology, v.: 7 2 , p.:142 - 148, 2015

Palabras clave: Uruguay Astrovirus sewage samples

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Ambiental

ISSN: 18670334

DOI: [10.1007/s12560-015-9186-4](https://doi.org/10.1007/s12560-015-9186-4)

The aim of this study was to determine the molecular epidemiology of classical human astrovirus (HAstV) strains in sewage samples from four Uruguayan cities: Bella Unión, Salto, Paysandú, and Fray Bentos, located in the Northwestern region of the country. Overall, 96 sewage samples were collected biweekly between March 2011 and February 2012 and were subject to ultracentrifugation methodology in order to concentrate the viruses. RT-PCR directed to the ORF2 genome region was performed followed by sequencing and phylogenetic analysis. Forty-three (45 %) out of 96 analyzed samples were positive for HAstV (Mamastrovirus 1) and 31 of them were successfully sequenced being 21 (49 %) of them classified as HAstV-1 genotype (1a lineage) and 10 (23 %) as HAstV-2 genotype (eight strains belonging to the 2d lineage and two strains to the 2c lineage). The 1a lineage circulated throughout the year, while the 2d lineage only in the coldest months (June to October). Strikingly, the 2c lineage was detected only in Salto city during March 2011. In this city it was observed the highest frequency of HAstV and the greatest genetic diversity, probably due to its role as high touristic spot with an important influx of visitants from others regions of Uruguay and also from other countries. This study constitutes the first report in Uruguay that describes the phylogenetic diversity and genotype distribution of HAstV strains circulating in the Northwestern region evidencing a high frequency and also the presence of several different lineages.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Molecular epidemiology of group A rotavirus among children admitted to hospital in Salto, Uruguay, 2011-2012: first detection of the emerging genotype G12. (Completo, 2015)

TORT LF , VICTORIA M , LIZASOAIN A , CASTELLS M , MAYA L , Gomez MM , ARRESEIGOR E , LÓPEZ P , CRISTINA J , LEITE JPG , COLINA R

Journal of Medical Virology, v.: 87 5 , p.:754 - 763, 2015

Palabras clave: Rotavirus A Uruguay G12

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus de la especie A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 01466615

DOI: [10.1002/jmv.24123](https://doi.org/10.1002/jmv.24123)

Group A rotavirus (RVA) is the most important etiologic agent of infant acute gastroenteritis (AGE) worldwide. Detection and molecular characterization of RVA in Salto department, Northwestern region of Uruguay, was conducted on 175 clinical samples, being 153 stool and 22 vomit samples, collected from hospitalized children with AGE, between 0-15 years old, from two hospitals of Salto city during 2011 and 2012. RVA was detected and genotyped by seminested multiplex RT-PCR in order to determine G- and P-genotypes. Positive samples were sequenced and phylogenetic analyses were carried out in order to determine lineages and sub-lineages. RVA was detected in 64 (37%) of the samples and the G and P genotypes observed were: 6% G1P[8], 23% G2P[4]/G2P[X]/GXP[4], 23% G3P[8]/G3P[X], 14% G12P[8]/G12P[X], 16% GXP[8], 1.5% G12P[9], 3% G2P[4]/[8], and 16% non-typeable. VP7 and VP4 genotypes related to DS-1 like gene constellation were prevalent during 2011 and those VP7 and VP4 genotypes related to Wa-like constellation were prevalent during 2012 (mainly represented by G3P[8]). Interestingly, RVA was detected in vomit samples in a high prevalence (41%). RVA was observed mainly in the age group between 1 and 5 years old (75% of the cases), and seasonality with a high detection rate in winter season was observed for the two consecutive years of surveillance. To our knowledge, this study represents the first detection and molecular characterization of RVA in Salto department, Northwestern region of Uruguay; and the first identification of the emerging genotype G12 in the country.

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Detection of Common, Emerging and Uncommon VP4, and VP7 Human Group A Rotavirus Genotypes from Urban Sewage Samples in Uruguay. (Completo, 2015)

TORT LF, LIZASOAIN A, GARCIA M, BEROIS M, CRISTINA J, LEITE JPG, Gomez MM, MIAGOSTOVICH MP, COLINA R

Food and Environmental Virology, v.: 7 4, p.:342 - 353, 2015

Palabras clave: Rotavirus A sewage Uruguay

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Ambiental

ISSN: 18670334

DOI: [10.1007/s12560-015-9213-5](https://doi.org/10.1007/s12560-015-9213-5)

Environmental approach has proven to be a useful tool for epidemiological studies demonstrating through environmental studies the diversity of viruses circulating in a given population. The aim of this study was to perform a phylogenetic characterization of the group A rotavirus (RVA) glycoprotein (G)- and protease-sensitive (P)-genotypes obtained from sewage samples (n = 116) collected in six cities of Uruguay during March 2011 to April 2013. A worldwide standardized seminested multiplex RT-PCR (SNM RT-PCR) protocol directed against VP4 and VP7 genes were conducted for RVA detection and consensual DNA fragments were submitted to nucleotide sequencing. P and/or G genotype was successfully determined by phylogenetic analysis in 61% (n = 37) of the positive samples obtained by SNM RT-PCR (n = 61). The RVA genotypes were as follow: G1 (n = 2), G2 (n = 14), G3 (n = 5), G12 (n = 2), P[4] (n = 4), P[8] (n = 16), and P[3] (n = 2). Interestingly, through phylogenetic analysis, emerging, and uncommon human genotypes could be detected. Results obtained from the comparison of RVA genotypes detected in the current study and Uruguayan RVA strains previously described for contemporary clinical pediatric cases showed that monitoring sewage may be a good screening option for a rapid and economical overview of the circulating genotypes in the surrounding human population and a useful approximation to study RVA epidemiology in a future vaccine monitoring program. The present study represents the first report in Uruguay that describes the phylogenetic diversity of RVA from urban sewage samples.

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Group a rotavirus and norovirus genotypes circulating in the northeastern Brazil in the post-monovalent vaccination era. (Completo, 2015)

Sá AC, Gomez MM, LIMA IF, QUETZ JS, HAVT A, ORIá RB, LIMA AA, LEITE JPG

Journal of Medical Virology, v.: 87 9, p.:1480 - 1490, 2015

Palabras clave: Rotavirus A Norovirus Brazil

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Gastroenteritis Virales

ISSN: 01466615

DOI: [10.1002/jmv.24144](https://doi.org/10.1002/jmv.24144)

Group A rotaviruses (RVA) and noroviruses (NoV) are the leading cause of acute gastroenteritis (AGE) worldwide. Childhood diarrhea deaths and hospital admissions have declined since the introduction of the monovalent (G1P[8]) vaccine (Rotarix®) [RV1] in the National Immunization Program in Brazil in 2006. This study aims to investigate the epidemiological profile of NoV and RVA infections from children with AGE in the Northeastern region of Brazil in the post vaccine season. Two-hundred fecal samples collected from children up to 10 years old in Fortaleza, Ceará

between 2008-2009 were screened for the presence of RVA and NoV. Positive samples were genotyped and sequenced. The RVA screening revealed 12% prevalence and all RVA strains belonged to G2P[4] genotype. Phylogenetic analysis based on the 11 RVA genome segments sequenced from eight samples revealed a DS-1-like genotype constellation: I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2. For NoV screening, the prevalence observed was 17% and the following genotypes were detected: GII.4 (59%), GII.12 (17%), GII.6 (9%), GII.3 (6%), and GII.? (9%). At least four different NoVs genotypes and two RVA G2P[4] variants were identified circulating in the Northeastern region of Brazil. RVA phylogenetic analysis suggests that the RVA G2P[4] strains might have originated from intragenogroup reassortment events. Whether the genetic modifications observed in these contemporary G2P[4] RVA strains may impact the long-term effectiveness of the current vaccination programs remains to be explored. These data reinforce the importance of surveillance for monitoring the emergence of new strains of RVA and NoV and their impact on cases of acute gastroenteritis.

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Environmental assessment reveals the presence of MLB-1 human Astrovirus in Uruguay. (Completo, 2015)

LIZASOAIN A , TORT LF , GARCIA M , Gomez MM , LEITE JPG , MIAGOSTOVICH MP , CRISTINA J , COLINA R , VICTORIA M

Journal of Applied Microbiology, v.: 119 3 3, p.:859 - 867, 2015

Palabras clave: Uruguay Astrovirus MLB-1

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Ambiental

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 13645072

DOI: [10.1111/jam.12856](https://doi.org/10.1111/jam.12856)

AIMS: The aim of this study was to investigate the presence of the recently identified human astrovirus (HAstV) and to increase the knowledge of the molecular epidemiology of classical HAstV detected in Uruguay. METHODS AND RESULTS: Recently identified and classical HAstV genotypes were investigated by RT-PCR targeting the ORF1b and ORF2 genome regions in 20 samples obtained between September 2011 and April 2013 in two cities of the eastern region of Uruguay. Four of 20 samples (20%) were identified as MLB-1 genotype and it was found a new MLB-1 classification through the segregation of the worldwide reported MLB-1 strains in two genetic lineages proposed and named: MLB-1a and MLB-1b. Fourteen (70%) samples were positive for classical HAstV and 12 of them were successfully sequenced and genotyped as: HAstV-1 (n = 10), HAstV-2 and HAstV-5 (one sample each). CONCLUSION: These results constitute the first report in the Latin American region concerning the molecular detection and characterization of MLB-1 HAstV strains in environmental samples. SIGNIFICANCE AND IMPACT OF THE STUDY: This study highlights the benefits of an environmental surveillance to study emerging enteric viruses circulating in human societies.

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Sewage surveillance reveals the presence of canine GVII norovirus and canine astrovirus in Uruguay. (Completo, 2015)

LIZASOAIN A , TORT FL , GARCIA M , Gomez MM , LEITE JPG , MIAGOSTOVICH MP , CRISTINA, J. , BEROIS M , COLINA, R. , VICTORIA M

Archives of Virology, v.: 160 11 , p.:2839 - 2843, 2015

Palabras clave: Norovirus Astrovirus

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Ambiental

ISSN: 03048608

DOI: [10.1007/s00705-015-2571-3](https://doi.org/10.1007/s00705-015-2571-3)

Canine norovirus (NoV) and astrovirus (AstV) were studied in 20 domestic sewage samples collected in two cities in Uruguay. Four samples were characterized as canine AstV after phylogenetic analysis clustering with strains detected in Italy and Brazil in 2008 and 2012, respectively. One sample was characterized as canine NoV and clustered with a strain detected in Hong Kong and recently classified as GVII. This study shows the occurrence of a canine NoV GVII strain for the first time in the American continent and also warns about possible zoonotic infection, since canine strains were detected in domestic sewage.

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Prevalence and genomic characterization of G2P[4] group A rotavirus strains during monovalent vaccine introduction in Brazil. (Completo, 2014) Trabajo relevante

Gomez MM , Carvalho-Costa FA , Volotao E de M , Rose TL , da Silva MFM , Fialho AM , Assis RMS ,

Andrade JSR , Sá ACC , Zeller M , Heylen E , Matthijnsens J , Leite JPG
Infection, Genetics and Evolution, v.: 28 p.:486 - 494, 2014

Palabras clave: Rotavirus G2P[4] genetic characterization

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus de la especie A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2014.09.012](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.09.012)

This study aims to: estimate the prevalence of G2P[4] rotaviruses in Brazil between 2001-2011 from patients with acute gastroenteritis; perform phylogenetic analyses of G2P[4] Brazilian strains (from vaccinated and non-vaccinated children) based on VP7 and VP8(?) encoding genes and analyze the antigenic regions of these proteins comparing with RV1; and assess the full genetic background of eleven selected Brazilian strains. The G2P[4] detection rate among RVA positive samples was 0/157 in 2001, 3/226 (1.3%) in 2002, 0/514 in 2003, 0/651 in 2004, 31/344 (9%)/2005, 112/227 (49%)/2006, 139/211 (66%)/2007, 240/284 (85%)/2008, 66/176 (37.5%)/2009, 367/422 (87%)/2010 and 75/149 (50%)/2011. For the VP7 and VP8(?) encoding genes, 52 sequences were analyzed and shared up to 99% nucleotide identity with other contemporary G2P[4] strains detected worldwide, grouping into different clusters. Most differences inside antigenic epitopes of VP7 and VP8(?) have been maintained in the G2P[4] Brazilian strains along the years, and all were present before RV1 introduction. Eleven G2P[4] strains (4-vaccinated/7-non-vaccinated) were completely characterized and possessed the typical DS-1-like genotype constellation (G2-P[4]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2) sharing up to 99% of nucleotide identity with contemporary worldwide strains. Reassortments between Brazilian G2P[4] human strains were observed. In conclusion, the data obtained in the current study suggests that implementation of RV1 vaccination might not influence the genetic diversity observed in G2P[4] analyzed strains. Several factors might have contributed to the increased prevalence of this genotype in Brazil since 2005: the introduction of RV1 into the Brazilian National Immunization Program has resulted in a decrease in the relative prevalence of predominant Wa-like RVA strains facilitating the increase of the heterotypic (DS-1-like) RVA strain G2P[4] in the Brazilian population; the genetic diversity found in different geographical regions throughout the years before, and after the introduction of RV1; the long period of low or no circulation of this genotype in Brazil previous to RV1 introduction could have created favorable conditions for the accumulation of immunological susceptible individuals.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Distinct evolutionary origins of G12P[8] and G12P[9] group A rotavirus strains circulating in Brazil. (Completo, 2014)

Gomez MM , RESQUE HR , VOLOTÃO EM , ROSE TL , DA SILVA MF , HEYLEN E , ZELLER M , MATTHIJNSSENS J , LEITE JPG

Infection, Genetics and Evolution, v.: 28 p.:385 - 388, 2014

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus de la especie A

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2014.04.007](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.04.007)

G12 group A rotavirus (RVA) are currently recognized as a globally emerging genotype and have been described in combination with several P-types. In Brazil, G12 RVA strains have been described in the Southern (2003) and Northern (2008-2010) regions, in combination with the P[9] and P[6] genotype, respectively. To date, few complete genomes of G12 RVA strains have been described (none from Brazilian strains), considering G12P[9] genotype just one strain, RVA/Human-tc/THA/T152/1998/G12P[9], has their 11 gene segments characterized. This study aims to determine the genomic constellation of G12P[9] and G12P[8] RVA strains detected in Brazil between 2006 and 2011. Therefore, the eleven gene segments of five Brazilian G12 RVA strains were amplified and sequenced, and the genotype of each gene segment was assigned using phylogenetic analysis. Complete genome analyses of G12 RVA strain circulating between 2006 and 2011 in Brazil revealed a conserved Wa-like genomic constellation for three G12P[8] RVA strains; whereas the two G12P[9] strains possessed distinct reassorted AU-1-like genomic constellations, closely related to the reference strain RVA/Human-tc/THA/T152/1998/G12P[9] in most genes. The results obtained in the current study suggest that G12P[9] (AU-1-like) and G12P[8] (Wa-like) strains detected in different regions of Brazil do not share a common origin. Moreover, while Brazilian G12P[8] RVA strains showed a complete Wa-like human constellation, both G12P[9] strains possessed an NSP1 gene of bovine origin (NSP1), and RVA/Human-wt/BRA/PE18974/2010/G12P[9] also possessed a VP3 gene of canine/feline origin.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

A decade of G3P[8] and G9P[8] rotaviruses in Brazil: epidemiology and evolutionary analyses. (Completo, 2014)

Gomez MM , Carvalho-Costa FA , Volotao EM , Rose TL , da Silva MFM , Fialho AM , de Assis RM , Matthijnssens J , Leite JPG

Infection, Genetics and Evolution, v.: 28 p.:389 - 397, 2014

Palabras clave: Diarrheal disease Genotypes G3 and G9 Group A rotaviruses Monovalent vaccine Phylogenetic analysis

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus de la especie A

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2014.05.016](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.05.016)

This study aims to estimate the frequency of group A rotaviruses (RVA) infection with genotypes G3P[8] and G9P[8] in children that suffered from diarrheal disease (DD) between 2001 and 2011 in different Brazilian regions. In addition, the genetic diversity of G3P[8] and G9P[8] RVA strains recovered from vaccinated and non-vaccinated children was assessed. Laboratory-based RVA surveillance included 15,115 cases of DD, and RVA was detected by enzyme immune-assay and/or polyacrylamide gel electrophoresis in 3357 (22%) samples. RVA was genotyped by the semi-nested RT-PCR and among RVA-positive samples, 100 (2.9%) were G3 (63 G3P[8], 32 G3P not typed [NT], and 5 G3P[6]) and 378 (16.2%) were G9 (318 G9P[8], 59 G9P[NT], and 1 G9P[6]). From the G3 and G9 positive samples, 16 and 12, respectively, were obtained from children aged 4-48 months vaccinated with the monovalent vaccine (Rotarix®, RV1). Phylogenetic analyses of the VP7 and VP8(?) encoding genes were performed for 26 G3P[8] and 48 G9P[8] strains. VP8(?) phylogenetic analysis revealed that all strains analyzed belonged to P[8] lineage III, whereas RV1 belongs to P[8]-I lineage. VP7 analysis revealed that all G3 and G9 strains belonged to G3-lineage III and G9-lineage III. The comparison of the VP7 and VP8(?) antigenic epitopes regions of Brazilian strains with RV1 strain revealed several amino acid changes. However, no particular differences among Brazilian strains detected before and after vaccine introduction were observed, or among strains detected from vaccinated and non-vaccinated children. Complete genome characterization of four G3P[8] and seven G9P[8] strains revealed a typical conserved human Wa-like genomic constellation. Changes in the genetic diversity of G3P[8] and G9P[8] RVA detected from 2001 to 2011 in Brazil seemed not be related to RV1 introduction in Brazil.

Scopus® WEB OF SCIENCE®

VP8*P[8] lineages of group A rotaviruses circulating over 20 years in Brazil: proposal of six different sub-lineages for P[8]-3 clade. (Completo, 2013)

DA SILVA MFM , Gomez MM , Rose TL , Volotao EM , Carvalho-Costa FA , Bello G , Leite JPG

Infection, Genetics and Evolution, v.: 16 p.:200 - 205, 2013

Palabras clave: Rotavirus genetic diversity P[8]

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2013.01.004](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.01.004)

Group A rotaviruses (RVA) is the most important cause of severe gastroenteritis among children worldwide. Vaccination is considered the best alternative among public health measures to reduce and prevent the global burden caused by RVA infections. Rotarix®, a monovalent vaccine based on a human strain with a G1P[8]-1 specificity, was introduced in the National Brazilian Immunization Programs (NIP) in March, 2006. RVA P[8] is the most prevalent P genotype worldwide and four distinct phylogenetic lineages: P[8]-1, -2, -3, and -4 have been described. In the current study phylogenetic analysis of the VP8(*) gene of 135 RVA P[8] Brazilian strains, in combination with G1, G3, G5 or G9 VP7 genotype, collected from 1986 to 2011 were carried out for a better understanding of the evolution of this viral genotype in Brazil. Lineages P[8]-1, P[8]-2, and P[8]-3 were observed circulating in Brazil. In 2001 these three P[8] lineages co-circulated simultaneously and this is the first report in South America to date. Considering the P[8] lineage and the G genotype, all G3 strains were related to lineage P[8]-3, whereas the G9 strains were related to P[8]-2 and P[8]-3 and G1 and G5 were related to P[8]-1, P[8]-2, and P[8]-3. In addition, the phylogenetic analysis based on estimate of genetic distances between P[8]-3 strains and the definition of a 1.5% cutoff value (with relevant statistical support) it was possible to propose a new classification for the P[8]-3 lineage into six different sub-lineages: P[8]-3.1 to P[8]-3.6. These findings reinforce the notion of the existence of constraints within specific RVA strains populations. The results obtained in this study reinforce the importance of a continuous RVA surveillance of circulating strains in order to predict the possible variants that will circulate in a country, assess the effects of vaccination on RVA circulating strains, and ultimately help in the design, challenges, and

prospects of RVA vaccines.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Phylogenetic analysis of G1P[6] group A rotavirus strains detected in Northeast Brazilian children fully vaccinated with Rotarix (Completo, 2013) Trabajo relevante

Gomez MM , DA SILVA MF , ZELLER M , HEYLEN E , MATTHIJNSSENS J , ICHIHARA MY , ROSE TL , VOLOTAO EM , LEITE JPG

Infection, Genetics and Evolution, v.: 19 p.:395 - 402, 2013

Palabras clave: Rotavirus Brazil G1P[6] Phylogeny

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2013.03.028](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.03.028)

In 2009 the World Health Organization recommended the use of group A rotavirus (RVA) vaccines in all national immunization programs (NIPs) in order to control severe RVA gastroenteritis disease. In Brazil, Rotarix® was introduced in the NIP in March 2006, and a significant reduction in mortality rates among children < 5 years old was observed, especially in the Northern and Northeastern Brazil. In the current study the 11 gene segments of six Brazilian G1P[6] RVA strains, isolated in 2009 and 2010 from vaccinated children, were analyzed in order to investigate if the genetic composition of these strains might help to elucidate why they were able to cause acute gastroenteritis in vaccinated children. All six Brazilian RVA strains revealed a complete Wa-like genotype constellation: G1-P[6]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1. Phylogenetic analysis showed that all six strains were nearly identical and showed a close genetic relationship with contemporary typical human Wa-like RVA strains. These results suggests that the fact that these strains were able to cause acute gastroenteritis in vaccinated children is likely not due to the genetic background of the strains, but rather to other factors such as host relating factors, co-infecting pathogens or vaccine efficacy. P[6] RVA strains are detected rather occasionally in humans in most regions of the world, except for South Asia and Sub-Saharan Africa. However, recently two studies conducted in Brazil showed the circulation of G12P[6] and G2P[6]. This is the first report on the detection and complete genome analyses of G1P[6] RVA strains in Brazil. Surveillance studies will be crucial to further investigate the prevalence of this genotype in the Brazilian population, and the efficacy of current licensed vaccines, which do not contain the P[6] genotype.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Human G9P[8] rotavirus strains circulating in Cameroon, 1999-2000: Genetic relationships with other G9 strains and detection of a new G9 subtype. (Completo, 2013)

ESONA MD , MIJATOVIC-RUSTEMPASIC S , FOYTICH K , ROY S , BANYAI K , ARMAH GE , STEELE AD , VOLOTAO EM , Gomez MM , da Silva MFM , Gautam R , Quaye O , Tam KI , Forbi JC , Seheri M , Page N , Nyangao J , Ndze VN , Aminu M , Bowen MD , Gentsch JR

Infection, Genetics and Evolution, v.: 18 p.:315 - 324, 2013

Palabras clave: Rotavirus genetic diversity G9P[8]

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2013.06.005](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.06.005)

Group A rotaviruses (RV-A) are the leading cause of viral gastroenteritis in children worldwide and genotype G9P[8] is one of the five most common genotypes detected in humans. In order to gain insight into the degree of genetic variability of G9P[8] strains circulating in Cameroon, stool samples were collected during the 1999-2000 rotavirus season in two different geographic regions in Cameroon (Southwest and Western Regions). By RT-PCR, 15 G9P[8] strains (15/89=16.8%) were identified whose genomic configurations was subsequently determined by complete or partial gene sequencing. In general, all Cameroonian G9 strains clustered into current globally-spread sublineages of the VP7 gene and displayed 86.6-100% nucleotide identity amongst themselves and 81.2-99.5% nucleotide identity with global G9 strains. The full genome classification of all Cameroonian strains was G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1 but phylogenetic analysis of each gene revealed that the strains were spread across 4 or more distinct lineages. An unusual strain, RVA/Human-wt/CMR/6788/1999/G9P[8], which shared the genomic constellation of other Cameroonian G9P[8] strains, contained a novel G9 subtype which diverged significantly (18.8% nucleotide and 19% amino acid distance) from previously described G9 strains. Nucleotide and amino acid alignments revealed that the 3' end of this gene is highly divergent from other G9 VP7 genes suggesting that it arose through extensive accumulation of point mutations. The results of this study demonstrate that diverse G9 strains circulated in Cameroon during 1999-2000.

Evidence of vaccine-related reassortment of rotavirus, Brazil, 2008-2010. (Completo, 2013) Trabajo relevante

ROSE TL, DA SILVA MFM, Gomez MM, Resque HR, Ichihara MY, Volotao EM, Leite JPG
Emerging Infectious Diseases, v.: 19 11, p.:1843 - 1846, 2013

Palabras clave: Rotavirus Rotarix reassortment

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 10806040

DOI: [10.3201/eid1911.121407](https://doi.org/10.3201/eid1911.121407)

Analysis of 27 rotavirus strains from vaccinated and unvaccinated children revealed reassortment events in 3 strains: a gene derived from a vaccine; a gene acquired from a circulating strain; and reassortment between circulating strains. Data suggest that the widespread use of this monovalent rotavirus vaccine may introduce vaccine genes into circulating human rotaviruses or vice versa.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Rotavirus A genotype P[4]G2: genetic diversity and reassortment events among strains circulating in Brazil between 2005 and 2009. (Completo, 2011) Trabajo relevante

Gomez MM, Mendonça MCL, Volotao EM, Tort, LFL; Tort FL; Lopez F, da Silva MFM, CRISTINA, J., Leite JPG

Journal of Medical Virology, v.: 83 6, p.:1093 - 1106, 2011

Palabras clave: Rotavirus Brazil reassortment

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: 10.1002/jmv.22071

ISSN: 01466615

DOI: [10.1002/jmv.22071](https://doi.org/10.1002/jmv.22071)

Group A rotaviruses (RV-A) are the leading cause of severe gastroenteritis in infants and young children worldwide. Due to the epidemiologic complexity of RV-A, especially in developing countries, it is important to determine which genotypes are circulating, principally after the introduction in March 2006 of the monovalent (P[8]G1) Rotarix® vaccine in Brazil by the National Immunization Program. In Phase III trials with Rotarix®, the prevalence of genotype P[4]G2 was extremely low, and therefore, evaluation of heterotypic immunization against this genotype was performed by meta-analysis statistics tests. Different studies have shown the re-emergence of genotype P[4]G2 in Brazil, since 2005, as well as in other countries, suggesting that it could be a continental phenomenon related to the temporal variability in the genotype's naturally occurring distribution. It is important to note that genotype P[4]G2 does not share VP4 or VP7 antigens with the vaccine strain. Therefore, we performed a phylogenetic analysis based on VP4 (VP8), VP7, VP6, and NSP4 genes of RV-A genotype P[4]G2 samples isolated from the five regions of Brazil between 2005 and 2009. This study revealed that different genetic variants of RV-A genotype P[4]G2 circulated in Brazil between 2005 and 2009, and that this variability is determined mainly by: occurrence of point mutations; reassortment events; and widespread global gene flow. The results obtained in this study are important to our understanding of the epidemiology and evolution of RV-A genotype P[4]G2 and demonstrate the importance of continuous monitoring and molecular characterization of RV-A strains circulating in human and animal populations.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Analysis of human P[4]G2 rotavirus strains isolated in Brazil reveals codon usage bias and strong compositional constraints. (Completo, 2011)

Gomez MM, Tort, LFL; Tort FL; Lopez F, VOLOTAO EM, RE CAREY, R., MORATORIO, G., MUSTO H, LEITE JPG, CRISTINA, J.

Infection, Genetics and Evolution, v.: 11 3, p.:580 - 586, 2011

Palabras clave: Rotavirus Brazil G2P[4] codon usage

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2011.01.006](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2011.01.006)

The Rotavirus genus belongs to the family Reoviridae and its genome consist of 11 segments of double-stranded RNA. Group A rotaviruses (RV-A) are the main etiological agent of acute viral gastroenteritis in infants and young children worldwide. Understanding the extent and causes of

biases in codon usage is essential to the understanding of viral evolution. However, the factors shaping synonymous codon usage bias and nucleotide composition in human RV-A are currently unknown. In order to gain insight into these matters, we analyzed the codon usage and base composition constraints on the two genes that codify the two outer capsid proteins (VP4 [VP8*] and VP7) of 58 P[4]G2 RV-A strains isolated in Brazil and investigated the possible key evolutionary determinants of codon usage bias. The results of these studies revealed that the frequencies of codon usage in both RV-A proteins studied are significantly different than the ones used by human cells. In order to observe if similar trends of codon usage are found when RV-A complete genomes are considered, we compare these results with results found using a dataset of 10 reference strains for whom the complete codes of the 11 segments are known. Similar results were obtained using capsid proteins or complete genomes. The general correlations found between the position of each sequence on the first axis generated by correspondence analysis and the relative dinucleotide abundances indicate that codon usage in RV-A can also be strongly influenced by underlying biases in dinucleotide frequencies. CpG and GpC containing codons are markedly suppressed. Thus, the results of this study suggest that RV-A genomic biases are the result of the evolution of genome composition in relation to host adaptation and the ability to escape antiviral cell responses.

Scopus' WEB OF SCIENCE™

Laboratory-based rotavirus surveillance during the introduction of a vaccination program, Brazil, 2005-2009. (Completo, 2011)

Carvalho-Costa FA , Eduardo de Mello Volotao , de Assis RM , Fialho AM , de Andrade J da S , Rocha LN , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , DA SILVA MFM , Gomez MM , de Souza PM , Leite JPG
Journal of Pediatric Infectious Diseases, v.: 30 p.:35 - 41, 2011

Palabras clave: Rotavirus Brazil epidemiology

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 18710336

DOI: [10.1016/j.virusres.2011.07.015](https://doi.org/10.1016/j.virusres.2011.07.015)

BACKGROUND: : Brazil introduced universal antirotavirus vaccination in March 2006. This article reports the results of rotavirus A (RV-A) surveillance from January 2005 to December 2009.

METHODS: : A total of 6109 fecal samples were collected in 18 Brazilian states. RV-A was detected by enzyme immunoassay and/or polyacrylamide gel electrophoresis, and genotyped through seminested reverse transcription-polymerase chain reaction. RESULTS: : RV-A was detected in 20.3% (n = 1242) of the samples. Among children less than 2 years old, regardless the antirotavirus vaccination status, the rates of RV-A detection were 33.8% in 2005, 23.7% in 2006, 16.8% in 2007, 22.9% in 2008, and 18.3% in 2009 (P < 0.001; ? test for linear trend). Among RV-A-positive samples, genotype G1P[8] or G1P[not typed(NT)] was detected in 14% in 2005, 12.3% in 2006, 9.5% in 2007, 0.7% in 2008, and 20.4% in 2009; G2P[4]/G2P[NT] was characterized in 9% in 2005, 49% in 2006, 66% in 2007, 85% in 2008, and 37.5% in 2009; G3P[8]/G3P[NT] was observed in 8.7% in 2005, 3.5% in 2006, and 5.7% in 2009; G9P[8]/G9P[NT] was observed in 52% in 2005, 22% in 2006, 12.3% in 2007, 3.2% in 2008, and 3.4% in 2009. CONCLUSIONS: : Our data demonstrate the reemergence of RV-A genotype G2P[4] in Brazil from 2005 to 2008, and that the rate of G2P[4] detection decreased in 2009, probably reflecting natural oscillations of RV-A genotypes.

Scopus'

VP7 Gene of human rotavirus A genotype G5: Phylogenetic analysis reveals the existence of three different lineages worldwide. (Completo, 2011)

DA SILVA MF , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , Gomez MM , Assis RM , Volotao EM , de Mendonça MCL , Bello G , Leite JPG

Journal of Medical Virology, v.: 83 2 , p.:357 - 366, 2011

Palabras clave: Rotavirus G5 genetic diversity

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 01466615

DOI: [10.1002/jmv.21968](https://doi.org/10.1002/jmv.21968)

Group A rotavirus (RV-A) genotype G5, which is common in pigs, was also detected in children with severe diarrhea in Brazil, Argentina, Paraguay, Cameroon, China, Thailand, and Vietnam. To evaluate the evolutionary relationship among RV-A G5 strains, the VP7 and VP4 genes of 28 Brazilian RV-A G5 human strains, sampled between 1986 and 2005, were sequenced and compared with other RV-A G5 strains currently circulating worldwide in animals and humans. The phylogenetic analysis of RV-A G5 VP7 gene strains demonstrates the existence of three main

lineages: (a) Lineage I: Brazilian strains grouped with three porcine strains from Thailand; (b) Lineage II: porcine, bovine, and equine strains from different regions; (c) Lineage III: human strains isolated in Asia and Africa, and two porcine strains from Argentina. The VP8* (*non-typable) subunit of VP4 gene sequencing showed that all P[8] strains fell into three major genetic lineages: P[8]-1; P[8]-2; and P[8]-3. These results showed that the RV-A G5 strains circulating in humans are the result of two independent zoonotic transmission events, most likely from pigs.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Phylogenetic analysis of VP1, VP2, and VP3 gene segments of genotype G5 group A rotavirus strains circulating in Brazil between 1986 and 2005. (Completo, 2011)

DA SILVA MF, TORT LFL, Gomez MM, de Assis RM, de Mendonça MCL, Volotao EM, Leite JPG
Virus Research, v.: 160 p.:381 - 388, 2011

Palabras clave: Brazil G5 Phylogenetics

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 01681702

DOI: [10.1016/j.virusres.2011.07.015](https://doi.org/10.1016/j.virusres.2011.07.015)

Genotype G5 group A rotavirus (RV-A), which is common in pigs and also detected in horses and cattle, circulated as endemic genotype in the 1980s and early 1990s in Brazil. After 1996, G5 RV-A has been replaced by G9 RV-A, becoming only sporadically detected. Recently, G5 has been reported in children with severe diarrhea in Argentina, Cameroon, Paraguay, People's Republic of China, and Vietnam, suggesting that, although uncommon in humans, it has a worldwide distribution. In a previous study, Brazilian G5 RV-A VP7 gene analysis demonstrated the existence of three main lineages: I, II, and III; all Brazilian strains and three porcine strains from Thailand grouped inside Lineage I. The VP8(*) subunit of VP4 gene showed that all P[8] strains fell into three major genetic lineages: P[8]-1; P[8]-2; and P[8]-3. Partial sequencing and phylogenetic analysis of VP1, VP2 and VP3 genes of P[8]G5 human RV-A strains were determined from 28 Brazilian strains collected from 1986 to 2005. The VP1-VP3 partial sequences analysis showed that the Brazilian strains have high amino acid identity with the human RV-A prototype IAL28 and other Wa-like genogroup strains. It was also shown that G5 RV-A Brazilian VP1-VP3 and VP7 sequences have a similar pattern of grouping: The study strains and the G5 prototype strain IAL-28 grouped together, while other prototypes, like OSU grouped separately. These results suggest that the core protein genes (VP1-VP3) of the G5 RV-A Brazilian strains might have originated from porcine and human strains. Phylogenetic analyses of VP7, VP4, VP1, VP2, and VP3 genes of P[8]G5 strains revealed a conserved genomic constellation (G5-P[8]-R1-C1-M1) with sequence similarity to Wa-like strains: IAL28, Wa, BE00048, CK00032, CK00033, DC4772 and DC1898, suggesting that despite the differences in genotypes (i.e., G5, G1 and G3) these viruses are genetically similar. The results presented here are fundamental to understand the epidemiology and evolution of genotype G5 RV-A and demonstrate the importance of continuous monitoring and molecular characterization of RV-A strains circulating in human and animal populations.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

Detection of uncommon rotavirus A strains P[8]G8 and P[4]G8 in the city of Rio de Janeiro, 2002. (Completo, 2010)

Gomez MM, DE MENDONÇA MC, VOLOTÃO E DE M, Tort, LFL; Tort FL; Lopez F, DA SILVA MF, CRISTINA, J., LEITE JPG

Journal of Medical Virology, v.: 82 7, p.:1272 - 1276, 2010

Palabras clave: Rotavirus genetic characterization G8 Rio de Janeiro

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 01466615

DOI: [10.1002/jmv.21769](https://doi.org/10.1002/jmv.21769)

Group A rotaviruses (RV-A) are the major cause of gastroenteritis in infants and young children around the world. Each year RV-A causes approximately 11 million episodes of severe diarrhea, with an estimated of 611,000 deaths. Epidemiologic surveys have identified P[8]G1, P[4]G2, P[8]G3, P[8]G4, and P[8]G9 as the most common global genotypes associated with diarrhea in children up to 5-year old. Surveillance studies and documentation of RV-A G and P genotypes is necessary for a comprehensive evaluation of the evolution of new strains, and assessing the capability of vaccines to provide heterotypic protection. It is known that reassortments are the driving force for genetic diversity through sudden changes in RV-A genome. In this study, we identified two unusual P/G combinations, P[8]G8 and P[4]G8, occurring in Rio de Janeiro during 2002. Results obtained in this study suggest that P[8]G8 RV-A strain originated from a

reassortment event that occurred between RV-A P[4]G8 and P[8]G9 strains circulating in Rio de Janeiro in the same year. G8 strains identified in this study, as well as G8 strains detected in Recife by Montenegro et al. [Montenegro et al. (2007) J Med Virol 79: 335-340], showed a close genetic relationship with strains from Africa, where this genotype have become prevalent.

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Evolution of naturally 5' non-coding region variants of hepatitis C virus in human populations of South American region. (Completo, 2007) Trabajo relevante

MORATORIO, G., Gomez MM, GUTIERREZ, M. F., González K, COLINA, R., Tort, LFL; Tort FL; Lopez F, López L, RECAREY, R., Schijman AG, Moreno MP, García-Aguirre L, Manascero AR, CRISTINA, J.

Virology Journal, v.: 4 p.:79 2007

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 1743422X

DOI: [10.1186/1743-422X-4-79](https://doi.org/10.1186/1743-422X-4-79)

www.virologyj.com

BACKGROUND: Hepatitis C virus (HCV) has been the subject of intense research and clinical investigation as its major role in human disease has emerged. Previous and recent studies have suggested a diversification of type 1 HCV in the South American region. The degree of genetic variation among HCV strains circulating in Bolivia and Colombia is currently unknown. In order to get insight into these matters, we performed a phylogenetic analysis of HCV 5' non-coding region (5'NCR) sequences from strains isolated in Bolivia, Colombia and Uruguay, as well as available comparable sequences of HCV strains isolated in South America. **METHODS:** Phylogenetic tree analysis was performed using the neighbor-joining method under a matrix of genetic distances established under the Kimura-two parameter model. Signature pattern analysis, which identifies particular sites in nucleic acid alignments of variable sequences that are distinctly representative relative to a background set, was performed using the method of Korber & Myers, as implemented in the VESPA program. Prediction of RNA secondary structures was done by the method of Zuker & Turner, as implemented in the mfold program. **RESULTS:** Phylogenetic tree analysis of HCV strains isolated in the South American region revealed the presence of a distinct genetic lineage inside genotype 1. Signature pattern analysis revealed that the presence of this lineage is consistent with the presence of a sequence signature in the 5'NCR of HCV strains isolated in South America. Comparisons of these results with the ones found for Europe or North America revealed that this sequence signature is characteristic of the South American region. **CONCLUSION:** Phylogenetic analysis revealed the presence of a sequence signature in the 5'NCR of type 1 HCV strains isolated in South America. This signature is frequent enough in type 1 HCV populations circulating South America to be detected in a phylogenetic tree analysis as a distinct type 1 sub-population. The coexistence of distinct type 1 HCV subpopulations is consistent with quasispecies dynamics, and suggests that multiple coexisting subpopulations may allow the virus to adapt to its human host populations.

Scopus[®] WEB OF SCIENCE[™]

Phylogenetic analysis of the NS5 gene of dengue viruses isolated in Ecuador (Completo, 2007)

REGATO, M., RECAREY, R., MORATORIO, G., DE MORA D, GARCIA-AGUIRRE L, GÓNZALEZ M, MOSQUERA C, ALAVA A, FAJARDO A., ALVAREZ M, D' Andrea L, DUBRA, A., Khan B, Gomez MM, CRISTINA, J.

Virus Research, v.: 132 p.:197 - 200, 2007

Palabras clave: Dengue virus NS5 gene Evolution Ecuador

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 01681702

DOI: [10.1016/j.virusres.2007.10.012](https://doi.org/10.1016/j.virusres.2007.10.012)

Dengue virus (DENV) is a member of the genus *Flavivirus* of the family *Flaviviridae*. DENV causes a wide range of diseases in humans, from the acute febrile illness dengue fever (DF) to life-threatening dengue hemorrhagic fever/dengue shock syndrome (DHF/DSS). There is not knowledge of the genetic relations among DENV circulating in Ecuador. Given the emerging behaviour of DENV, a single tube RT-PCR assay using a pair of consensus primers to target the NS5 coding region has been recently validated for rapid detection of flaviviruses. In order to gain insight into the degree of genetic variation of DENV strains isolated in Ecuador, DENV NS5 sequences from 23 patients were obtained by direct sequencing of PCR fragments using the mentioned one step RT-PCR assay. Phylogenetic analysis carried out using the 23 Ecuadorian

DENV NS5 sequences, as well as 56 comparable sequences from DENV strains isolated elsewhere, revealed a close genetic relation among Ecuadorian strains and DENV isolates of Caribbean origin. The use of partial NS5 gene sequences may represent a useful alternative for a rapid phylogenetic analysis of DENV outbreaks.

Scopus® WEB OF SCIENCE™

NO ARBITRADOS

Diagnóstico rápido del virus del dengue por análisis molecular. (Completo, 2007)

MORATORIO, G., Gomez MM, ALVAREZ M, D ANDREA L, FAJARDO A, DUBRA A, RECAREY, R., CRISTINA, J.

Uruguay Ciencia, 2007

Palabras clave: DENGUE Diagnóstico

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 16883934

LIBROS

Virología Humana e Veterinaria (Participación , 2018) Trabajo relevante

Gomez MM, Volotão EM, Soares CC

Edición: 1,

Editorial: THIEME REVINTER, Rio de Janeiro

Tipo de publicación: Divulgación

En prensa

Escrito por invitación

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virus entericos

Medio de divulgación: Papel

ISSN/ISBN: 978-85-4565-034-6

Capítulos:

Virus entéricos: Rotavirus, Calicivirus Humanos, Astrovirus e Adenovirus

Organizadores: Raquel Siqueira de Queiroz Simões

Página inicial 199, Página final 227

PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS

Caracterización genotípica de aislamientos del hongo *Alternaria alternata*, causante de la mancha marrón de los cítricos en Uruguay. (2019)

Resumen

Rodríguez Assandri, Bidegaray-Batista, Gomez MM, Russi, Pérez, Peyrou

Evento: Nacional

Descripción: V Jornada Uruguaya de Fitopatología / III Jornada Uruguaya de Protección Vegetal

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2019

Anales/Proceedings: V Jornada Uruguaya de Fitopatología III Jornada Uruguaya de Protección Vegetal - Libro de resúmenes

Página inicial: 22

Página final: 22

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Micología /

Medio de divulgación: Internet

Detección y caracterización molecular del virus Y de la papa a partir muestras de *Solanum tuberosum* de Uruguay. (2019)

Resumen

Gomez MM, Rodríguez Assandri, Peyrou

Evento: Nacional

Descripción: V Jornada Uruguaya de Fitopatología / III Jornada Uruguaya de Protección Vegetal

Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2019
Anales/Proceedings: V Jornada Uruguaya de Fitopatología / III Jornada Uruguaya de Protección Vegetal - Libro de Resúmenes
Página inicial: 32
Página final: 32
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Fitopatógenos
Medio de divulgación: Internet

Rotavírus A genótipo G26P[19] em criança hospitalizada com gastroenterite aguda: segunda descrição mundial e caracterização genômica completa (2016)

Resumen
Gomez MM , Fialho AM , Assis RMS , Volotao EM , Mazzoco CS , Andrade JSR , Mouta Junior SS , Rocha MS , Leite JPG

Evento: Internacional
Descripción: III Simpósio Internacional de Imunobiológicos
Ciudad: Rio de Janeiro, Brasil.
Año del evento: 2016
Anales/Proceedings: Anais do III Simpósio Internacional de Imunobiológicos. Bio-manguinhos
Página inicial: 184
Página final: 185
Palabras clave: G26P[1]9 rotavirus reassortment rearrangement genomic constellation Brazil
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus

Rotavirus A epidemiology one decade after the introduction of universal vaccination with Rotarix in Brazil. (2016)

Resumen
Carvalho-Costa FA , Assis RMS , Fialho AM , Araújo IT , da Silva MFM , Gomez MM , Andrade JSR , Volotão EM , Rose TL , Fumian T , Leite JPG

Evento: Internacional
Descripción: 12th International Rotavirus Symposium
Ciudad: Melbourne, Australia.
Año del evento: 2016
Anales/Proceedings: Symposium program book
Página inicial: 100
Página final: 100
Palabras clave: rotavirus rotarix epidemiology
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus

Genomic constellation of a porcine-like human G26P[19] rotavirus strain isolated from a child with acute gastroenteritis in Rio de Janeiro in 2015 (2016)

Resumen
Gomez MM , Fialho AM , Assis RMS , Volotao EM , Mazzoco CS , Andrade JSR , Mouta Junior SS , Rocha SM

Evento: Internacional
Descripción: 12th International Rotavirus Symposium
Ciudad: Melbourne, Australia.
Año del evento: 2016
Anales/Proceedings: Symposium program book
Página inicial: 101
Página final: 101
Palabras clave: rotavirus G26P[19] GENOMIC CONSTELLATION REASSORTMENT REARRANGEMENT
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus

Epidemiology of group A rotaviruses in Brazil, 1996-2013: impact of universal vaccination with the

monovalent vaccine. (2015)

Resumen

Carvalho-Costa FA , Assis RMS , Fialho AM , Araújo IT , da Silva MFM , Gomez MM , Andrade JSR , Rose TL , Nobrec AA , Volotão EM , Barreto ML , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 4th European expert meeting on rotavirus vaccination - EEROVAC

Ciudad: Santiago de Compostela, España.

Año del evento: 2015

Anales/Proceedings: Abstract book

Página inicial: 21

Página final: 21

Palabras clave: rotavirus Brazil epidemiology

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Caracterización molecular de cepas de astrovirus humano emergente MLB-1 em agua residual de Uruguay. (2015)

Resumen

LIZASOAIN, A. , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , Garcia M , Gomez MM , Leite JPG , CRISTINA, J. , Colina R , VICTORIA M

Evento: Internacional

Descripción: XI Congreso Argentino de Virología, II Congreso Latinoamericano de Virología, IV Simposio de Virología Clínica, II Simposio de Virología Veterinaria

Ciudad: Buenos Aires, Argentina.

Año del evento: 2015

Anales/Proceedings: Libro de resúmenes

Página inicial: 146

Página final: 146

Palabras clave: astrovirus agua residual Uruguay caracterización molecular

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Ambiental

Presencia de norovirus y astrovirus canino em aguas residuales de Uruguay. (2015)

Resumen

LIZASOAIN, A. , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , Garcia M , Gomez MM , Leite JPG , Miagostovich MP , CRISTINA, J. , Colina R , VICTORIA M

Evento: Internacional

Descripción: XI Congreso Argentino de Virología, II Congreso Latinoamericano de Virología, IV Simposio de Virología Clínica, II Simposio de Virología Veterinaria

Ciudad: Buenos Aires, Argentina.

Año del evento: 2015

Anales/Proceedings: Libro de resúmenes

Página inicial: 148

Página final: 148

Palabras clave: norovirus astrovirus aguas residuales Uruguay detección

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Ambiental

Detection of common, emerging and uncommon VP4 and VP7 human group A rotavirus genotypes from urban sewage samples in Uruguay. (2015)

Resumen

Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , VICTORIA M , LIZASOAIN, A. , Berois M , CRISTINA, J. , Leite JPG , Gomez MM , Miagostovich MP , Colina R

Evento: Internacional

Descripción: XXVI Congresso Brasileiro de Virologia, X Encontro de Virologia do Mercosul.

Ciudad: Florianópolis, Santa Catarina, Brasil.

Año del evento: 2015

Anales/Proceedings: Virus Reviews and Research

Volumen: 20

Página inicial: 30

Página final: 31

Palabras clave: rotavirus sewage Uruguay

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Ambiental

Identification of canine norovirus and astrovirus in sewage from Uruguay. (2015)

Resumen

LIZASOAIN, A., Tort, LFL; Tort FL; Lopez F, Garcia M, Gomez MM, Leite JPG, Miagostovich MP, CRISTINA, J., Colina R

Evento: Internacional

Descripción: XXVI Congresso Brasileiro de Virologia, X Encontro de Virologia do Mercosul

Ciudad: Florianópolis, Santa Catarina, Brasil.

Año del evento: 2015

Anales/Proceedings: Virus Reviews and Research

Volumen: 20

Página inicial: 84

Página final: 84

Palabras clave: canine norovirus sewage Uruguay astrovirus

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virología Ambiental

The changing epidemiology of rotavirus diarrhea in the context of universal vaccination in Brazil. (2014)

Resumen

Gomez MM, Carvalho-Costa FA, Volotão EM, Rose TL, da Silva MFM, Fialho AM, Assis RMS, Matthijnssens J, Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 11th International Rotavirus Symposium

Año del evento: 2014

Anales/Proceedings: Abstract book

Página inicial: 132

Página final: 133

Palabras clave: rotavirus epidemiology Brazil

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

A decade of G3P[8] and G9P[8] rotaviruses in Brazil: Epidemiology and evolutionary analyses. (2014)

Resumen

Gomez MM, Carvalho-Costa FA, Volotão EM, Rose TL, da Silva MFM, Fialho AM, Assis RMS, Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 11th International Rotavirus Symposium

Ciudad: Nova Deli, India.

Año del evento: 2014

Anales/Proceedings: Abstract book

Página inicial: 133

Página final: 134

Palabras clave: rotavirus G3 G9 molecular epidemiology Brazil

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Epidemiology of group A rotavirus diarrhea in the context of universal monovalent (G1P[8]) vaccination in Brazil (2014)

Resumen

Volotao EM, Carvalho-Costa FA, Gomez MM, da Silva MFM, Rose TL, Fialho AM, Assis RMS, Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: II Seminário Anual Científico e Tecnológico em Imunobiológicos

Año del evento: 2014

Palabras clave: rotavirus epidemiology Brazil

Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Constelação gênica dos genótipos: Wa-like/DS-1-like/AU-1-like, de Rotavírus do grupo A antes e após a introdução da vacina monovalente (G1P[8]) no Brasil. (2014)

Resumen

Rose TL , Gomez MM , Carvalho-Costa FA , Volotão EM , da Silva MFM , Resque HR , Fialho AM , Assis RMS , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: II Seminário Anual Científico e Tecnológico em Imunobiológicos

Año del evento: 2014

Palabras clave: constelação gênica Brazil rotavirus

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Laboratory-based rotavirus surveillance during the vaccination program, Brazil, 2010-2012. (2013)

Resumen

Carvalho-Costa FA , Volotão EM , Assis RMS , Gomez MM , Fialho AM , Andrade J , Hugo R , da Silva MFM , Rose TL , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 5th European Rotavirus Biology Meeting

Año del evento: 2013

Anales/Proceedings:Abstract book

Página inicial: 69

Página final: 69

Palabras clave: rotavirus epidemiology Brazil

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Genome sequence analysis of six Brazilian human rotaviruses provides evidence for mammalian interspecies transmission. (2013)

Resumen

Rose TL , Gomez MM , Fialho AM , Volotão EM , da Silva MFM , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 5th European Rotavirus Biology Meeting

Año del evento: 2013

Anales/Proceedings:Abstract book

Página inicial: 69

Página final: 70

Palabras clave: rotavirus reassortment Brazil

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Laboratory-based rotavirus surveillance during the vaccination program, Brazil, 2010-2012. (2013)

Resumen

Carvalho-Costa, FA , Leite JPG , Volotão EM , Assis RMS , Fialho AM , Andrade JSR , Resque HR , Silva MFM , Gomez MM , Rose TL

Evento: Internacional

Descripción: XXIV Brazilian Congress of Virology & VIII Mercosur Meeting of Virology

Año del evento: 2013

Anales/Proceedings:Virus Reviews and Research

Volumen:18

Página inicial: 25

Página final: 25

Palabras clave: rotavirus epidemiology Brazil surveillance

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

P[8] Lineages of group A rotaviruses circulating over 20 years in Brazil: proposal of a new classification for P[8]-3 sub-lineages. (2012)

Resumen

da Silva MFM , Gomez MM , Rose TL , Volotão EM , Bello G , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 11th International Symposium on Double-Stranded RNA Viruses

Ciudad: San Juan, Puerto Rico.

Año del evento: 2012

Anales/Proceedings: Caderno de resumos

Página inicial: 52

Página final: 52

Palabras clave: rotavirus Brazil P[8] lineages

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Molecular characterization of VP4 and VP7 from G2P[4] rotavirus A strains detected in vaccinated and non-vaccinated children in Brazil. (2012)

Resumen

Gomez MM , da Silva MFM , Carvalho-Costa F , Zeller M , Heylen E , Matthijssens J , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 11th International Symposium on Double-Stranded RNA Viruses

Ciudad: San Juan, Puerto Rico.

Año del evento: 2012

Anales/Proceedings: Caderno de resumos

Página inicial: 71

Página final: 71

Palabras clave: rotavirus G2P[4] molecular epidemiology Brazil reassortment

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Molecular characterization of rotavirus specie a G1P[8] strains from children vaccinated with Rotarix® vaccine (2011)

Resumen

Rose TL , da Silva MFM , Gomez MM , Volotao EM , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: XXII Encontro Nacional de Virologia, VI Encontro de Virologia do Mercosul

Ciudad: Atibaia, São Paulo, Brasil.

Año del evento: 2011

Anales/Proceedings: VIRUS Reviews and Research

Volumen: 16

Página inicial: 175

Página final: 175

Palabras clave: rotavirus Brazil G1P[8] vaccine

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Phylogenetic analysis of Brazilian P[6]G1 rotavirus A positive samples reveals Rotarix® vaccine escape strains (2011)

Resumen

Gomez MM , Rose TL , da Silva MFM , Volotao EM , Costa RA , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: XXII Encontro Nacional de Virologia, VI Encontro de Virologia do Mercosul

Ciudad: Atibaia, São Paulo, Brasil.

Año del evento: 2011

Anales/Proceedings: VIRUS Reviews and Research

Volumen: 16

Página inicial: 186

Página final: 186

Palabras clave: rotavirus G1P[6] epidemiology Brazil

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Phylogenetic analysis of Brazilian P6G1 strains from children vaccinated with Rotarix®. (2011)

Resumen

Gomez MM , Rose TL , da Silva MFM , Volotao EM , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 4th European Rotavirus Biology Symposium

Ciudad: Villa San Giovanni, Italia

Año del evento: 2011

Anales/Proceedings: Abstract book

Volumen: 4

Página inicial: 43

Página final: 43

Palabras clave: rotavirus G1P[6] Brazil epidemiology

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Molecular Analysis of VP1, VP2, and VP3 Genes of Group A Rotavirus Genotype G5 Circulating in Brazil between 1986 and 2005. (2011)

Resumen

da Silva MFM , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , Gomez MM , Assis RMS , Mendonça MCL , Volotao EM , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: 4th European Rotavirus Biology Symposium

Ciudad: Villa San Giovanni, Italia

Año del evento: 2011

Anales/Proceedings: Abstract book

Volumen: 4

Página inicial: 52

Página final: 52

Palabras clave: rotavirus G5 Brazil VP1 VP2 VP3

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Genotyping and molecular characterization of VP4, VP7 and NSP4 genes of rotavirus A circulating in Ceará State, Brazil, between 2008 and 2009. (2011)

Resumen

Sá AC , Gomez MM , Lima IFN , Quetz JS , Havt A , Oriá RB , Lima AAM , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: X Congreso Argentino de Virología, III Simposio de Virología Clínica, I Simposio de virología veterinaria

Ciudad: Buenos Aires, Argentina

Año del evento: 2011

Anales/Proceedings: REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGIA

Volumen: 43

Página inicial: 62

Página final: 63

Palabras clave: rotavirus Brazil molecular epidemiology

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Phylogenetic analysis of Brazilian P[6]G1 rotavirus A positive samples reveals Rotarix® vaccine escape strains (2011)

Resumen

Gomez MM , Rose TL , da Silva MFM , Volotão EM , Costa RA , Leite JPG

Evento: Internacional

Descripción: X Congreso Argentino de Virología, III Simposio de Virología Clínica, I Simposio de virología veterinaria

Ciudad: Buenos Aires, Argentina

Año del evento: 2011

Anales/Proceedings: REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGIA

Volumen: 43

Página inicial: 98
Página final: 98
Palabras clave: rotavirus G1P[6] phylogenetic epidemiology
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Genotipos de rotavirus A circulantes en América Latina. (2010)

Resumen

Leite JPG , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , Gomez MM , da Silva MFM , Rocha LN , Fialho AM , Assis RMS , Volotao EM

Evento: Internacional
Descripción: IX Encuentro Nacional de Microbiólogos
Ciudad: Montevideo, Uruguay.
Año del evento: 2010
Anales/Proceedings: Libro de Resúmenes.
Página inicial: 19
Página final: 19
Palabras clave: rotavirus genetic diversity Latin America
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Rotavirus A genotype P[4]G2: genetic diversity and reassortment events among strains circulating in Brazil between 2005 and 2009 (2010)

Resumen

Gomez MM , Mendonça MCL , Volotao EM , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , da Silva MFM , Sá ACC , CRISTINA, J. , Leite JPG

Evento: Internacional
Descripción: XXI Encontro Nacional de Virologia. V Encontro de Virologia do Mercosul.
Ciudad: Gramado, Rio Grande do Sul, Brasil
Año del evento: 2010
Anales/Proceedings: Virus Reviews and Research
Volumen: 15
Página inicial: 149
Página final: 149
Palabras clave: rotavirus G2P[4] genetic diversity reassortment Brazil
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Genetic diversity and reassortment events among P[4]G2 rotaviruses strains circulating in Brazil between 2005 and 2009. (2010)

Resumen

Gomez MM , Mendonça MCL , Volotao EM , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , da Silva MFM , CRISTINA, J. , Leite JPG

Evento: Internacional
Descripción: 9th International Rotavirus Symposium
Ciudad: Johannesburg, Africa.
Año del evento: 2010
Anales/Proceedings: Realizing the impact of Rotavirus Vaccines
Página inicial: 62
Página final: 62
Palabras clave: rotavirus reassortment epidemiology Brazil
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología /

Detection of uncommon rotavirus A strains P[8]G8 and P[4]G8 in the city of Rio de Janeiro, 2002. (2009)

Resumen

Gomez MM , Volotao EM , Mendonça MCL , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , da Silva MFM , Leite JPG

Evento: Internacional
Descripción: XX Encontro Nacional de Virologia
Ciudad: Brasília, Distrito Federal, Brasil

Año del evento: 2009

Anales/Proceedings:Virus: Reviews and Research - Journal of the Brazilian Society for Virology.

Volumen:14

Página inicial: 140

Página final: 140

Palabras clave: rotavirus Brazil uncommon genotypes

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Study of human rotavirus genotype G3 in isolates from Rio de Janeiro from 1996 to 2006: molecular characterization and comparative analysis. (2009)

Resumen

ROCHA LN , da Silva MFM , MENDONÇA MCL , Gomez MM , LEITE JPG , VOLOTAO EM

Evento: Internacional

Descripción: XX Encontro Nacional de Virologia

Ciudad: Brasília, Distrito Federal, Brasil.

Año del evento: 2009

Anales/Proceedings:Virus: Reviews and Research - Journal of the Brazilian Society for Virology.

Volumen:14

Página inicial: 194

Página final: 195

Palabras clave: rotavirus genetic diversity G3 Brazil

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Rotavirus genotype G9 circulating in Brazil: genes sequences and phylogenetic analysis. (2008)

Resumen

Gomez MM , Tort, LFL; Tort FL; Lopez F , Fialho AM , Leite JPG , Volotao EM

Evento: Internacional

Descripción: XIX Encontro Nacional de Virologia

Ciudad: Caxambu, Minas Gerais, Brasil.

Año del evento: 2008

Anales/Proceedings:Virus: Reviews and Research - Journal of the Brazilian Society for Virology.

Volumen:13

Página inicial: 177

Página final: 177

Palabras clave: rotavirus G9 Brazil epidemiology

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Rotavirus A

Producción técnica

Otras Producciones

ORGANIZACIÓN DE EVENTOS

Curso de verão: Doenças virais com importância em saúde pública no Brasil (2008)

Gomez MM

Otro

Sub Tipo: Organización

Lugar: Brasil ,Instituto Oswaldo Cruz Rio de Janeiro

Idioma: Portugués

Institución Promotora/Financiadora: Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Ciencias de la Salud /

Información adicional: Membro da comissão organizadora do curso de verão: Doenças virais com importância em saúde pública no Brasil, Programa de Pós-graduação stricto sensu em Biologia Celular e Molecular do IOC, Fiocruz. Carga horária: 56 horas.

Ciência e Tecnologia na América Latina (2006)

Gomez MM

Otro

Sub Tipo: Organización

Lugar: Brasil, Universidade Estadual de Campinas (Unicamp) Campinas

Idioma: Portugués

Institución Promotora/Financiadora: Universidade Estadual de Campinas (Unicamp) / Asociación de Universidades Grupo Montevideo (AUGM)

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Otras Ciencias Naturales / Otras Ciencias Naturales /

Información adicional: Participação na organização do 3º Seminário Internacional: "Ciência e

Tecnologia na América Latina". Unicamp, São Paulo, Brasil.

Formación de RRHH

TUTORÍAS CONCLUIDAS

OTRAS

Caracterizacao molecular e epidemiologia molecular de rotavirus A (2017)

Otras tutorías/orientaciones

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Fundação Oswaldo Cruz - Rio de Janeiro , Brasil

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad

Nombre del orientado: Christian Sagave Mazzocco de Almeida

País/Idioma: Brasil, Portugués

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Programa Institucional de Becas de Iniciación Científica PIBIC- CNPq/FIOCRUZ.

Deteção e caracterização genotípica de Rotavírus A em amostras fecais humanas de Fortaleza, Ceará. (2012)

Otras tutorías/orientaciones

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz , Brasil

Tipo de orientación: Asesor/Orientador

Nombre del orientado: Ana Caroline Costa Sá

País/Idioma: Brasil, Portugués

Áreas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Virus Gastroentéricos

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Caracterizacao molecular de rotavirus A (2012)

Otras tutorías/orientaciones

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Fundação Oswaldo Cruz - Rio de Janeiro , Brasil

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad

Nombre del orientado: Júlio César de Araújo Vanelis Soares

País/Idioma: Brasil, Portugués

Áreas de conocimiento:

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

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Programa Institucional de Becas de Iniciación Científica PIBIC- CNPq/FIOCRUZ.

Otros datos relevantes

PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS

Premio de Tesis Alexandre Peixoto 2015 / Interfarma de Inovação e Pesquisa (2015)

(Nacional)

Instituto Oswaldo Cruz - Fiocruz

El "Premio de Tesis Alexandre Peixoto" fue creado por el Instituto Oswaldo Cruz (IOC / Fiocruz) para contemplar anualmente las mejores tesis desarrolladas por doctorandos de los Programas de Postgrado Stricto sensu del IOC. La premiación es un homenaje al investigador Alexandre Peixoto, fallecido precozmente en febrero de 2013, época en que coordinaba el Programa de Postgrado

Stricto sensu en Biología Celular y Molecular del IOC.

Beca de Postdoctorado NOTA 10 (2015)

(Nacional)
FAPERJ

Beca de doctorado NOTA 10 (2012)

(Nacional)
FAPERJ

Mención de trabajo relevante en la sección de Epidemiología (2011)

(Internacional)

Sociedad Argentina de Virología - SAV / Asociación Argentina de Microbiología - AAM

Mención de trabajo relevante en la sección de Epidemiología referente al póster presentado en el "X Congreso Argentino de Virología" (III Simposio de Virología Clínica, I Simposio de virología veterinaria) en Buenos Aires, Argentina. Título del poster: Phylogenetic analysis of Brazilian P[6]G1 rotavirus A positive samples reveals Rotarix® vaccine escape strains. Autores: Gómez MM, Rose TL, da Silva MFM, Volotão EM, Costa RA, Leite JPG.

PRESENTACIONES EN EVENTOS

V Jornada Uruguaya de Fitopatología / III Jornada Uruguaya de Protección Vegetal (2019)

Otra

Detección y caracterización molecular del virus Y de la papa a partir muestras de Solanum tuberosum de Uruguay.

Uruguay

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedad Uruguaya de Fitopatología

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Micología / Fitopatógenos

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología / Fitopatógenos

Campanha de conscientização e vacinação da Febre Amarela (2017)

Otra

Título de la conferencia: "Febre amarela: perguntas e respostas"

Brasil

Tipo de participación: Conferencista invitado

Nombre de la institución promotora: Instituto Federal do Rio de Janeiro (IFRJ)

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Enfermedades Infecciosas / Fiebre Amarilla

III Simpósio Internacional de Imunobiológicos. (2016)

Simposio

Rotavírus A genótipo G26P[19] em criança hospitalizada com gastroenterite aguda: segunda descrição mundial e caracterização genômica completa .

Brasil

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

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

12th International Rotavirus Symposium, (2016)

Simposio

Rotavirus A epidemiology one decade after the introduction of universal vaccination with Rotarix in Brazil.

Australia

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

12th International Rotavirus Symposium. (2016)

Simposio

Genomic constellation of a porcine-like human G26P[19] rotavirus strain isolated from a child with acute gastroenteritis in Rio de Janeiro in 2015.

Australia

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XXVII Congresso Brasileiro de Virologia - XI Encontro de Virologia do Mercosul (2016)

Congreso

Conferencia administrada sobre epidemiología de los rotavirus antes y después de la introducción de la vacuna Rotarix en el calendario nacional de vacunación en Brasil

Brasil

Tipo de participación: Conferencista invitado

Nombre de la institución promotora: Sociedade Brasileira de Virologia - SBV

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Epidemiología molecular y evolución de los rotavirus del grupo A en Brasil

4th European expert meeting on rotavirus vaccination - EEROVAC (2015)

Congreso

Epidemiology of group A rotaviruses in Brazil, 1996-2013: impact of universal vaccination with the monovalent vaccine.

España

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XI Encuentro Nacional de Microbiólogos. (2015)

Encuentro

Epidemiología molecular de rotavirus del grupo A en niños hospitalizados con gastroenterite aguda en Salto, 2011-2012: primera detección del geotipo G12 en el país.

Uruguay

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedad Uruguaya de Microbiología

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XI Encuentro Nacional de Microbiólogos. (2015)

Encuentro

Detección de genotipos comunes, emergentes e inusuales de Rotavirus Humanos a partir de muestras de agua residual urbana de Uruguay.

Uruguay

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedad Uruguaya de Microbiología.

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XI Congreso Argentino de Virología, II Congreso Latinoamericano de Virología, IV Simposio de Virología Clínica, II Simposio de Virología Veterinaria. (2015)

Congreso

Caracterización molecular de cepas de astrovirus humano emergente MLB-1 en agua residual de Uruguay.

Argentina

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XI Congreso Argentino de Virología, II Congreso Latinoamericano de Virología, IV Simposio de Virología Clínica, II Simposio de Virología Veterinaria, (2015)

Congreso

Presencia de norovirus y astrovirus canino en aguas residuales de Uruguay.

Argentina

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XXVI Congresso Brasileiro de Virologia, X Encontro de Virologia do Mercosul. (2015)

Congreso
Detection of common, emerging and uncommon VP4 and VP7 human group A rotavirus genotypes from urban sewage samples in Uruguay.
Brasil
Tipo de participación: Poster
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XXVI Congresso Brasileiro de Virologia, X Encontro de Virologia do Mercosul. (2015)

Congreso
Identification of canine norovirus and astrovirus in sewage from Uruguay.
Brasil
Tipo de participación: Poster
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

11th International Rotavirus Symposium, (2014)

Simposio
The changing epidemiology of rotavirus diarrhea in the context of universal vaccination in Brazil.
India
Tipo de participación: Poster
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

11th International Rotavirus Symposium, (2014)

Simposio
A decade of G3P[8] and G9P[8] rotaviruses in Brazil: Epidemiology and evolutionary analyses.
India
Tipo de participación: Poster
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

II Seminário Anual Científico e Tecnológico em Imunobiológicos. (2014)

Seminario
Epidemiology of group A rotavirus diarrhea in the context of universal monovalent (G1P[8]) vaccination in Brazil.
Brasil
Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: Bio-Manguinhos / Fiocruz
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

II Seminário Anual Científico e Tecnológico em Imunobiológicos. (2014)

Seminario
Constelação gênica dos genótipos: Wa-like/DS-1-like/AU-1-like, de Rotavírus do grupo A antes e após a introdução da vacina monovalente (G1P[8]) no Brasil.
Brasil
Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: Bio-Manguinhos / Fiocruz
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Taller de actualización en la genotipificación de rotavirus (2014)

Taller
Conferencia administrada en el Curso Internacional - Taller de actualización en la genotipificación de rotavirus.
Brasil
Tipo de participación: Conferencista invitado
Nombre de la institución promotora: Instituto Oswaldo Cruz / Organización Panamericana de la

Salud - OPAS / Organización Mundial de la Salud - OMS.

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Evolución de los rotavirus

5th European Rotavirus Biology Meeting, (2013)

Encuentro

Laboratory-based rotavirus surveillance during the vaccination program, Brazil, 2010-2012.

España

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

5th European Rotavirus Biology Meeting, (2013)

Encuentro

Genome sequence analysis of six Brazilian human rotaviruses provides evidence for mammalian interspecies transmission.

España

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XXIV Brazilian Congress of Virology & VIII Mercosur Meeting of Virology. (2013)

Congreso

Laboratory-based rotavirus surveillance during the vaccination program, Brazil, 2010-2012.

Brasil

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedade Brasileira de Virologia - SBV

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

Taller de actualización en la genotipificación de rotavirus (2013)

Taller

Conferencia administrada en el Curso Internacional - Taller de actualización en la genotipificación de rotavirus.

Brasil

Tipo de participación: Conferencista invitado

Nombre de la institución promotora: Instituto Oswaldo Cruz / Organización Panamericana de la Salud - OPAS / Organización Mundial de la Salud - OMS.

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Evolución de rotavirus del grupo A

11th International Symposium on Double-Stranded RNA Viruses. (2012)

Simposio

P[8] Lineages of group A rotaviruses circulating over 20 years in Brazil: proposal of a new classification for P[8]-3 sub-lineages.

Puerto Rico

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

11th International Symposium on Double-Stranded RNA Viruses. (2012)

Simposio

Molecular characterization of VP4 and VP7 from G2P[4] rotavirus A strains detected in vaccinated and non-vaccinated children in Brazil.

Puerto Rico

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

4th European Rotavirus Biology Meeting (2011)

Encuentro

Phylogenetic analysis of Brazilian P6G1 strains from children vaccinated with Rotarix
Italia

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

4th European Rotavirus Biology Meeting (2011)

Encuentro

Molecular Analysis of VP1, VP2, and VP3 Genes of Group A Rotavirus Genotype G5 Circulating in Brazil between 1986 and 2005

Italia

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

X Congreso Argentino de Virología, III Simposio de Virología Clínica, I Simposio de virología veterinaria. (2011)

Congreso

Genotyping and molecular characterization of VP4, VP7 and NSP4 genes of rotavirus A circulating in Ceará State, Brazil, between 2008 and 2009.

Argentina

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

X Congreso Argentino de Virología, III Simposio de Virología Clínica, I Simposio de virología veterinaria, (2011)

Congreso

Phylogenetic analysis of Brazilian P[6]G1 rotavirus A positive samples reveals Rotarix® vaccine escape strains.

Argentina

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XXII Encontro Nacional de Virologia, VI Encontro de Virologia do Mercosul (2011)

Encuentro

Molecular characterization of rotavirus specie a G1P[8] strains from children vaccinated with Rotarix® vaccine

Brasil

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedade Brasileira

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XXII Encontro Nacional de Virologia, VI Encontro de Virologia do Mercosul (2011)

Encuentro

Phylogenetic analysis of Brazilian P[6]G1 rotavirus A positive samples reveals Rotarix® vaccine escape strains.

Brasil

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedade Brasileira de Virologia - SBV

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XX Congreso Latinoamericano de Microbiología. IX Encuentro Nacional de Microbiólogos (2010)

Congreso

Genotipos de rotavirus A circulantes en América Latina.

Uruguay

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedad Uruguaya de Microbiología

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XXI Encontro Nacional de Virologia. V Encontro de Virologia do Mercosul (2010)

Encuentro

Rotavirus A genotype P[4]G2: genetic diversity and reassortment events among strains circulating in Brazil between 2005 and 2009.

Brasil

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedade Brasileira de Virologia - SBV

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

9th International Rotavirus Symposium (2010)

Simposio

Genetic diversity and reassortment events among P[4]G2 rotaviruses strains circulating in Brazil between 2005 and 2009.

Sudáfrica

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XX Encontro Nacional de Virologia (2009)

Encuentro

Detection of uncommon rotavirus A strains P[8]G8 and P[4]G8 in the city of Rio de Janeiro, 2002.

Brasil

Tipo de participación: Poster

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XX Encontro Nacional de Virologia (2009)

Encuentro

Study of human rotavirus genotype G3 in isolates from Rio de Janeiro from 1996 to 2006: molecular characterization and comparative analysis.

Brasil

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedade Brasileira de Virologia - SBV

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XIX Encontro Nacional de Virologia (2008)

Encuentro

Rotavirus genotype G9 circulating in Brazil: genes sequences and phylogenetic analysis.

Brasil

Tipo de participación: Poster

Nombre de la institución promotora: Sociedade Brasileira de Virologia - SBV

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XIV Jornadas de Jóvenes Investigadores de la AUGM (2006)

Encuentro

Presentación oral

Brasil

Tipo de participación: Expositor oral

Nombre de la institución promotora: AUGM

Areas de conocimiento:

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

Presentación oral con el título: "Evidencia de diversificación genética en cepas del virus de la Hepatitis C aisladas en Colombia"

XIV Jornadas de jovens pesquisadores da AUGM (2006)

Encuentro

Evidencia de diversificación genética en cepas del virus de la Hepatitis C aisladas en Colombia.

Brasil

Tipo de participación: Expositor oral

Nombre de la institución promotora: AUGM / Unicamp

Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

XIV Jornadas de jovens pesquisadores da AUGM (2006)

Encuentro
Evidencia de diversificación genética en cepas del virus de la Hepatitis C aisladas en Colombia.
Brasil
Tipo de participación: Poster
Nombre de la institución promotora: AUGM / Unicamp
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Virología

JURADO/INTEGRANTE DE COMISIONES EVALUADORAS DE TRABAJOS ACADÉMICOS

Vigilância dos norovirus GII: caracterização molecular de recombinantes e da variante emergente GII. P17 Kawazaki_2014 no Brasil (2018)

Candidato: Juliana da Silva Ribeiro de Andrade
Tipo Jurado: Tesis de Doctorado
Gomez MM
Pós-Graduação em Biologia Parasitária / Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz / Brasil
País: Brasil
Idioma: Portugués
Palabras Clave: norovirus recombinante brasil epidemiologia caracterizacao molecular
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Virología
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Biología y Biología de la Evolución / Genómica

Avaliação do conhecimento de alunos da educação básica sobre hepatite C. (2017)

Candidato: Tairine Monteiro de Barros
Tipo Jurado: Iniciación científica
Gomez MM
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro / Brasil
País: Brasil
Idioma: Portugués
Palabras Clave: HCV educacao basica
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Ciencias Biomédicas Sociales

Etiologia viral nas gastroenterites agudas em Salvador, Bahia: os astrovirus. (2010)

Candidato: Patrícia Duque Estrada
Tipo Jurado: Iniciación científica
Gomez MM
Sector Extranjero/Internacional/Otros / Institución Extranjera / Universidad Federal de Río de Janeiro / Brasil
País: Brasil
Idioma: Portugués
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Ciencias Biológicas / Virología

Información adicional

Aprobación en concurso público

? Concurso público para Professor Classe Adjunto I. Edital No 203/2016. Universidade Federal Fluminense ? UFF. Instituto Biomédico. Departamento de Microbiología e Parasitologia/MIP.
Área de Conhecimento: Virologia.

? Concurso público para contratación de Horas docentes para actividades de Investigación Nivel III para el departamento de Biología Molecular del Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable ? IIBCE. Edital N°23 perfil 2. Aprobada en primero lugar.

Proyectos de investigación - participante:

Proyecto: Genetic variability of Hepatitis C virus in Uruguay: Impact of new variants in the virus and disease understanding.

Financiamiento: Consejo Nacional de Innovación, Ciencia y Tecnología (CONICYT).
Período: 2003 - 2007.
Coordinador: Dr. Juan Cristina Gheraldi.

Proyecto: Genetic variability of Hepatitis C virus in Latin American Region. CRP.LA/URU03-02.
Financiamiento: International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology (ICGEB) / Pan American Health Organization (PAHO) / Latina American Network of Biological Sciences (RELAB).
Período: 2004 - 2008.
Coordinador: Dr. Juan Cristina Gheraldi.

Proyecto: Implementation of a Quality Assurance and Control Network for the Molecular Diagnosis of diseases transmitted by insects. ARCAL LXXIII (RLA/6/050).
Financiamiento: International Atomic Energy Agency (IAEA).
Período: 2005 - 2007.
Coordinador: Dr. Juan Cristina Gheraldi.

Proyecto: Genes estruturais e não-estruturais de rotavírus A circulantes na Amazônia e no Sudeste brasileiro: genealogia, transmissão entre-espécies e impacto no programa nacional de imunização anti-rotavírus. 474274/2008-0.
Financiamiento: CNPq.
Período: 2008 - 2010.
Coordinador: Dr. José Paulo Gagliardi Leite.

Proyecto: Genes estruturais e não-estruturais de rotavírus A: transmissão inter-espécies e impacto no programa nacional de imunização anti-rotavírus. 403550/2008-4.
Financiamiento: CNPq.
Período: 2008 - 2010.
Coordinador: Dr. José Paulo Gagliardi Leite.

Proyecto: Variabilidade Genética e evolução molecular dos Rotavírus: seu impacto na doença e no desenvolvimento de novas vacinas. 006/08.
Financiamiento: CAPES, Programa de Cooperação Internacional Capes/Udelar.
Período: 2009 - 2011.
Coordinador: Dr. José Paulo Gagliardi Leite.

Proyecto: Epidemiologia molecular e monitoramento ambiental das gastroenterites de etiologia viral. PPCP 023/2011.
Financiamiento: CAPES, Programa Capes PPCP-Mercosul.
Período: 2012 - 2015.
Coordinador: Dr. José Paulo Gagliardi Leite.

Proyecto: Rotavirus da Espécie A: epidemiologia molecular, mecanismos evolutivos e impacto no programa nacional de imunização anti-rotavirus A. 482119/2012-8.
Financiamiento: CNPq.
Início: 2012 - 2015.
Coordinador: Dr. José Paulo Gagliardi Leite.

Proyecto: Análise do genótipo emergente G12 de rotavírus no Brasil e desenvolvimento de metodologia molecular para caracterização da constelação gênica dos RVA.
Financiamiento: FAPERJ.
Início: 18/12/2015 / Duración: 48 meses.
Coordinador: Dr. Eduardo de Mello Volotão.

Proyecto: Estudos de marcadores de virulência e atenuação do vírus Zika e de sua infecção em modelos celulares e animais: perspectivas no estabelecimento de protótipos vacinais e no conhecimento da patogenia viral.
Financiamiento: CAPES.
Início: 24/10/2016, Duración: 24 meses.
Coordinador: Dra. Myrna Cristina Bonaldo.

Proyecto: Caracterización biológica y molecular del virus Y de la papa en cultivares de papa (Solanum tuberosum) en Uruguay y diseño de herramientas de diagnóstico molecular para detección y caracterización del virus.
Financiamiento: Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable - IIBCE.
Início: 01/01/2019 / Duración: 24 meses.
Coordinador: Dra. Inés Ponce de León / M.Sc.Mercedes Peyrou.

[Revisor Ad Hoc](#)

- MEEGID - Infection, Genetics and Evolution
- Virus Research
- BMC Infectious Diseases
- Revista Pan-Amazônica de Saúde
- Jornal de Pediatria
- Virus Disease

- Epidemiology and Infection
- PLOS ONE
- Journal of Pediatric Infectious Diseases

Indicadores de producción

PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	61
Artículos publicados en revistas científicas	29
Completo	29
Trabajos en eventos	31
Libros y Capítulos	1
Capítulos de libro publicado	1
Otros tipos	2
PRODUCCIÓN TÉCNICA	2
FORMACIÓN RRHH	3
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas	3
Otras tutorías/orientaciones	3