



GONZALO GREIF
CARÁMBULA

PhD



gonzalo.greif@pasteur.edu.uy

Mataojo 2020. CP 11400.
Montevideo, Uruguay.
25220910 int 125

SNI

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

Fecha de publicación: 22/04/2026
Última actualización: 06/02/2026

Datos Generales

INSTITUCIÓN PRINCIPAL

Institut Pasteur de Montevideo/ Institut Pasteur de Montevideo / Laboratorio de Interacciones Hospedero-Patógeno/Unidad de Biología Molecular / Uruguay

DIRECCIÓN INSTITUCIONAL

Institución: Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo / Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Laboratorio de Interacciones Hospedero-Patógeno/Unidad de Biología Molecular

Dirección: Mataojo 2020 / 11400

País: Uruguay / Montevideo / Montevideo

Teléfono: (+598) 25220910 / 125

Correo electrónico/Sitio Web: gonzalo.greif@pasteur.edu.uy www.pasteur.edu.uy

Formación

Formación académica

CONCLUIDA

DOCTORADO

Doctorado en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA) (2010 - 2015)

Universidad de la República - Facultad de Ciencias , Uruguay

Título de la disertación/tesis/defensa: Estudios de expresión génica en tripanosomatidos usando secuenciación masiva (NGS).

Tutor/es: Carlos Robello y Fernando Alvarez-Valín

Obtención del título: 2015

Palabras Clave: trypanosoma Next Generation Sequencing

Áreas de conocimiento:

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

MAESTRÍA

Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA) (2002 - 2008)

Universidad de la República - Facultad de Ciencias , Uruguay

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

Tutor/es: Carlos Robello/Ricardo Ehrlich

Obtención del título: 2008

Palabras Clave: trypanosoma cruzi, UPS

Áreas de conocimiento:

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

GRADO

Licenciatura en Ciencias Biológicas (1995 - 2000)

Universidad de la República - Facultad de Ciencias , Uruguay

Título de la disertación/tesis/defensa: Mejoramiento de la Expresión de Proteínas Heterólogas en Escherichia coli: Incidencia de la expresión de β -lactamasa en la Traslocación de Proteínas al Periplasma

Tutor/es: Mónica Marín

Obtención del título: 2000

Palabras Clave: Proteínas Recombinantes, clonación

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

Formación complementaria

CONCLUIDA

CURSOS DE CORTA DURACIÓN

Human Cell Atlas (10/2023 - 10/2023)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile, Chile
40 horas
Palabras Clave: transcriptómica scRNAseq

10X Genomics, Chromium Next GEM Single Cell 3' Library Preparation (07/2023 - 07/2023)

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay
24 horas

Capacitación en MAtería de Acoso y Acoso Sexual Laboral (08/2022 - 08/2022)

Sector Educación Superior/Público / Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas / Área Biología (PEDECIBA), Uruguay
5 horas

Diego Zallocco-5th Course on Molecular diagnosis of Drug Resistant TB (11/2018 - 11/2018)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / WHO/IUTALD TB Supra national reference Laboratory / Emerging Bacterial Pathogens Unit, S. Raffaele Scientific Institute, Italia
40 horas
Palabras Clave: tuberculosis resistencia a drogas sequencing
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología de la Salud /

Proposal Writing Courses for Research Grants (04/2017 - 11/2017)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / University of Cologne - Universität zu Köln / DIES/DAAD, Alemania
80 horas
Palabras Clave: writing project financial support
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología de la Salud /

Manejo, técnicas de administración de sustancias y obtención de muestras en ratones (01/2012 - 01/2012)

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay
15 horas
Palabras Clave: bioterio, experimentación animal
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Sequencing on the GAlIx (01/2011 - 01/2011)

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay
30 horas
Palabras Clave: Secuenciación masiva
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Secuenciación masiva

Temas en Diseño y Análisis de Experimentos con Microarrays (01/2010 - 01/2010)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias, Uruguay
40 horas

Palabras Clave: Microarrays

Areas de conocimiento:

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

Computational Methods for Next-generation Sequencing Data and Transcriptomics (01/2010 - 01/2010)

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

40 horas

Palabras Clave: Next Generation Sequencing

Areas de conocimiento:

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

NextGenerationSequencing(NGS) data analysis (01/2010 - 01/2010)

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

40 horas

Palabras Clave: Next Generation Sequencing

Areas de conocimiento:

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

Bioinformática aplicada a Genómica y Proteómica (01/2005 - 01/2005)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / Universidad Católica de Córdoba , Argentina

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Bioinformática

Curso Básico de Cultivos de Células (PEDECIBA) (01/2004 - 01/2004)

Sector Gobierno/Público / Ministerio de Educación y Cultura / Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable , Uruguay

Areas de conocimiento:

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

Medical genetics for developing countries (01/2003 - 01/2003)

Sector Extranjero/Internacional/Otros / THE INTERNATIONAL CENTRE FOR GENETIC ENGINEERING AND BIOTECHNOLOGY , Italia

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana /

Temas de Biología Molecular (PEDECIBA) (01/2003 - 01/2003)

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

Areas de conocimiento:

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

Genética molecular y medicina (PEDECIBA) (01/2003 - 01/2003)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Medicina , Uruguay

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Medicina Molecular

Introduccion al estudio de Microarreglos de ADN (01/2002 - 01/2002)

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

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarreglos de ADN

Sistemas de expresión en células eucariotas utilizando vectores virales (PEDECIBA) (01/2002 - 01/2002)

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

Areas de conocimiento:

Estudios genómicos, postgenómicos y sus aplicaciones en biología humana (PEDECIBA) (01/2002 - 01/2002)

Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias , Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana /

PARTICIPACIÓN EN EVENTOS

XI Curso Internacional de Biología Molecular de Tripanosomatídeos: do genoma a busca de novas drogas. (2024)

Tipo: Simposio
Institución organizadora: CABBIO, Brasil

XXVII Congreso de la Federación Latinoamericana de Parasitología/XII Congreso de la Sociedad Argentina de Parasitología (2024)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: FLAP, Argentina
Alcance geográfico: Internacional

XXXIV Reunion Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología (2023)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: Sociedad Argentina de Protozoología, Argentina
Alcance geográfico: Internacional

XX Sociedad Uruguaya de Biociencias (2022)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: SUB, Uruguay

7as JORNADAS DE BIOQUIMICA Y BIOLOGIA MOLECULAR (2011)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: SBBM, Uruguay
Palabras Clave: Trypanosoma vivax, secuenciación masiva
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Trypanosoma vivax

3er Annual meeting United States - Latin American Cancer Research Network (2011)

Tipo: Encuentro
Institución organizadora: NCI (USA), México
Palabras Clave: Cáncer, Microarrays
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Cáncer, Microarrays

Sequencing on the GAIIx (2011)

Tipo: Otro
Institución organizadora: Illumina, Uruguay
Palabras Clave: NGS, Illumina
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Secuenciación masiva

Taller sobre la estandarización y validación analítica de la qPCR para cuantificar la carga de ADN de Trypanosoma cruzi en sangre periférica de pacientes con enfermedad de Chagas (2011)

Tipo: Taller
Institución organizadora: Organización Panamericana de la Salud/INGEBI-CONICET, Argentina
Palabras Clave: Trypanosoma cruzi, diagnóstico, qPCR
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Congreso Interno Institut Pasteur de Montevideo (2010)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: Institut Pasteur Montevideo, Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

XIII Jornadas de la SUB (2010)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: Sociedad Uruguaya de Biociencias, Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

IV Reunion Sociedad Latinoamericana de Tuberculosis y otras Micobacteriosis (2009)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: SLAMTB, Argentina
Palabras Clave: tuberculosis
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular

Foro de Innovación de las Américas (2009)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: ANII, Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías /

Foro de Innovación de las Américas (2008)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: ANII, Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ingeniería y Tecnología / Otras Ingenierías y Tecnologías / Otras Ingenierías y Tecnologías / Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular / Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud /

Manejo de Equipo de Microarreglos de ADN (Scanner) (2008)

Tipo: Taller
Institución organizadora: Agilent Technologies, Estados Unidos
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarreglos de ADN

Los desafíos del líder (2008)

Tipo: Taller
Institución organizadora: Celsius-ATGen, Uruguay

Avaliação pós-genômica da expressão gênica em parasitas (2007)

Tipo: Encuentro
Institución organizadora: IBMP, Brasil

Pasantía en el Instituto de Biología Molecular de Parana (IBMP), Curitiba, Brasil (2007)

Tipo: Otro
Institución organizadora: IBMP, Brasil
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Tecnologías que involucran la identificación de ADN, proteínas y enzimas /

XI Congreso Uruguayo de Patología Clínica (2006)

Tipo: Congreso
Institución organizadora: SUPAC, Uruguay
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Capacitación en GXP (2005)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Infodynamics / ATGen, Uruguay

Manejo de equipo en pcr en tiempo real: Rotor Gene (cobett Research) (2005)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Corbett Research, Australia

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / PCR en tiempo real

Manejo de equipo de PCR en tiempo real (Roche, Applied y Corbett) (2005)

Tipo: Taller

Institución organizadora: Artus GmbH, Alemania

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / PCR en tiempo real

X Congreso de la Panamerican Association for Biochemistry and Molecular Biology (PABMB). (2005)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: PABMB, Argentina

3as Jornadas de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular (2004)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: SBBM, Uruguay

Areas de conocimiento:

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

II Jornadas de Bioempresarios en Sudamérica (2004)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: AMSUD, Uruguay

Areas de conocimiento:

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

3as Jornadas de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular. Montevideo, Uruguay (2004)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: SBBM, Uruguay

II Jornadas de Bioempresarios en Sudamérica (2004)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: Amsud Pasteur, Uruguay

Propiedad Industrial para la pequeña y mediana empresa (2003)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: OMPI, Uruguay

Semana Hematologica (2003)

Tipo: Seminario

Institución organizadora: Hospital MACiel, Uruguay

2das Jornadas de la Sociedad de Bioquímica y Biología molecular (2003)

Tipo: Congreso

Institución organizadora: SBBM, Uruguay

Areas de conocimiento:

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

Idiomas

Francés

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

Inglés

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

Portugués

Entiende bien / Habla regular / Lee regular /

Áreas de actuación

CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

Ciencias Biológicas/Bioquímica y Biología Molecular

CIENCIAS MÉDICAS Y DE LA SALUD

Medicina Básica/Bioquímica y Biología Molecular

Actuación profesional

SECTOR ORGANIZACIONES PRIVADAS SIN FINES DE LUCRO/SOCIEDADES CIENTÍFICO-TECNOLÓGICAS - INSTITUT PASTEUR DE MONTEVIDEO - URUGUAY

Institut Pasteur de Montevideo

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (10/2006 - a la fecha) Trabajo relevante

Técnico adjunto 40 horas semanales / Dedicación total

Desde mi incorporación a la UBM, desde la inauguración del IPMON, participé en la instalación y puesta en marcha de los laboratorios. Instalación del equipamiento PCR en tiempo real, Secuenciador automático y más recientemente los microarreglos de ADN. Participo en las líneas de investigación de la unidad, así como también en el área de servicio de la plataforma tecnológica.

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Epidemiología Molecular Tuberculosis (04/2007 - a la fecha)

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

20 horas semanales

IPMON, Biología Molecular , Integrante del equipo

Equipo:

Palabras clave: tuberculosis epidemiología molecular

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Biología Molecular

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

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Enfermedades Infecciosas / Biología Molecular

Estudios de expresión génica en tripanosomatidos usando secuenciación masiva (08/2009 - a la fecha)

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

20 horas semanales

Institut PASTEUR de Montevideo, Unidad de Biología Molecular , Integrante del equipo

Equipo: ROBELLO, C., ALVAREZ VALIN, F.

Palabras clave: Transcriptómica, Trypanosoma vivax

Áreas de conocimiento:

Estrés oxidativo de Trypanosoma cruzi (03/2005 - 04/2008)

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

20 horas semanales

IPMON, Biología Molecular , Integrante del equipo

Equipo:

Palabras clave: trypanosoma cruzi estrés oxidativo UPS

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Parasitología / Biología Molecular

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

FPTA: Del intestino al agua pasando por el suelo y viceversa: descubriendo las vías de diseminación de las comunidades microbianas asociadas a la ganadería? (01/2024 - a la fecha)

FPTA: Del intestino al agua pasando por el suelo y viceversa: descubriendo las vías de diseminación de las comunidades microbianas asociadas a la ganadería?

5 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Equipo: GREIF, G.

MitoCruzi (04/2022 - a la fecha)

PTR

10 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo , Laboratorio de Interacciones Hospedero-Patógeno

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

Financiación:

Institut Pasteur International Network, Francia, Apoyo financiero

Equipo: Tomasina.R, GREIF, G. , ROBELLO, C. (Responsable)

Plasticidad genómica de Trypanosoma cruzi en un modelo in vivo de transmisión vertical (04/2024 - a la fecha)

La transmisión vertical de la enfermedad de Chagas es cada vez más frecuente en países no endémicos, siendo responsable de la mayoría de los nuevos casos en zonas urbanas del área endémica. En nuestro país es el único mecanismo de transmisión activo de la enfermedad. El parásito Trypanosoma cruzi, causante de la enfermedad, posee un genoma altamente complejo en estructura, contenido y organización génica. Se encuentra compartimentalizado en dos regiones: por un lado la región ?disruptiva? compuesta principalmente por familias multigénicas que codifican proteínas de membrana y la región conservada ?core? con genes conservados en otros tripanosomátidos. Es esta compartimentación, de acuerdo a nuestra hipótesis, la que le permite adaptarse, a diferentes ambientes, hospederos, mecanismos de transmisión, entre otros, modelando la estructura y organización genómica, en especial del compartimento disruptivo. Las cepas adaptadas a la transmisión vertical aisladas en nuestro país, son un excelente modelo para determinar si son los cambios en el compartimento disruptivo respecto a cepas del mismo linaje con diferente tropismo y evolución clínica, los responsables de esta adaptación. En el presente proyecto, proponemos la obtención de genomas de diferentes aislados que permitan una comparación entre los diferentes compartimentos genómicos y su plasticidad para adaptarse a diferentes tipos de transmisión. Este trabajo se complementa con una aproximación transcriptómica global y de proteómica de superficie que permita una caracterización detallada de los mecanismos que dan lugar a estas cepas que convierten a T. cruzi en un exitoso parásito que logra transmitirse generación tras generación.

20 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo , Laboratorio de Interacciones Hospedero-Patógeno

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Beca

Equipo: GREIF, G. , PAES-VIEIRA, LISVANE;VIEIRA, LISVANE PAES; PAES, Lisvane Silva (Responsable) , ROBELLO, C. , REGO N. , ANDRES CABRERA

Palabras clave: cruzi transmision vertical chagas

Desarrollo de nuevo método para el diagnóstico de tripanosomiasis de importancia en salud animal en Uruguay: SurraTest (04/2024 - a la fecha)

En nuestro país se viene desarrollando el negocio de cría de caballos de alta competencia (Sangre pura de carrera, caballos de polo, enduro) generando empleo directo e indirecto además de ser una creciente fuente de ingresos debido a la exportación de animales y la participación de eventos en el exterior. La exportación ya sea final o transitoria implica el cumplimiento de requisitos sanitarios que garanticen la salud de los animales, requiriendo una cuarentena previa y pruebas diagnósticas para certificación libre de enfermedades presentes en el país. Resulta un desafío el diagnóstico y certificación de la enfermedad de Surra, causada por *Trypanosoma evansi*, debido a las limitaciones de las pruebas existentes (sensibilidad, especificidad, presencia de falso positivos). El objetivo del presente proyecto, es desarrollar un sistema de diagnóstico rápido para detectar la presencia de *Trypanosoma evansi* en equinos y mejorar el tamizaje serológico actual. Se busca obtener una prueba de campo sencilla y rápida que se pueda utilizarse directamente en muestras de sangre. Esto facilitaría la certificación de animales libres de la enfermedad para permitir la exportación de animales. El proyecto se basa en estudios previos sobre la biología y evolución de los tripanosomátidos africanos, así como en la detección de la presencia del parásito en el país. Se cuenta con un aislado local posibilitando la generación de las herramientas diagnósticas específicas de la(s) cepa(s) circulante(s) en el país aumentando la especificidad. En resumen, el proyecto busca mejorar el sistema de tamizaje serológico y generar un sistema de campo para casos particulares (ej. Caballos que requieran certificación de libre de la enfermedad). Contar con estas herramientas, contribuiría a garantizar la salud de los animales, prevenir la propagación de la enfermedad en el país y facilitar la liberación de animales para su exportación beneficiando al sector ecuestre nacional.

20 horas semanales

Institut Pasteur de Montevideo , Laboratorio de Interacciones Hospedero-Patógeno

Investigación

Coordinador o Responsable

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Beca

Equipo: GREIF, G. (Responsable) , Andres Cabrera , Lopez, F. , Acosta, S. , Parodi, P , Cuore, U. , Fresia P , ROBELLO, C.

Palabras clave: trypanosoma evansi producción animal

Genómica evolutiva y funcional en tripanosomas africanos:origen de la variación antigénica (03/2012 - a la fecha)

La tripanosomiasis Africana aqueja a unos 5 millones de personas del África subsahariana (enfermedad del sueño). También afecta la ganadería, teniendo un fuerte impacto económico en diversos países. En Sudamérica dos especies de tripanosomas africanos (*T. vivax*, *T. evansi*) fueron introducidos alrededor de 1850, afectando hoy zonas tropicales y templadas de nuestro continente. Estos tripanosomas se caracterizan por presentar una densa cubierta celular compuesta por $1e7$ moléculas de glicoproteínas variables de superficie (VSGs). Estas glicoproteínas son la base de la variación antigénica que permite a estos parásitos evadir la respuesta inmune del mamífero. Lo logran cambiando periódicamente el gen VSG que es expresado a partir de un repertorio de 1500 genes VSG diferentes. Este proyecto tiene dos objetivos fundamentales: caracterizar la organización genómica de los genes VSG en *T. vivax*, tanto del Sitio de Expresión como del repertorio de genes silenciosos y obtener la secuencia genómica completa (y su anotación) de la variante sudamericana de *T. vivax*. Procuraremos dichos objetivos utilizando secuenciación profunda y diversas aproximaciones Bioinformáticas. Elegimos *T. vivax* como modelo pues análisis de filogenia molecular indican que ocupa una posición evolutiva clave, es descendiente directo del

ancestro común de los tripanosomas africanos, por tanto su estudio contribuirá a elucidar el origen de uno de los mecanismos de evasión inmune más fascinantes de la naturaleza. La reciente disponibilización del genoma de una variante Africana de *T.vivax*, junto a nuestros resultados, permitirá realizar estudios de genómica comparativa, que contribuirán a entender el patrón y dinámica de diversificación de los genes VSGs.

10 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

RRHH formados en el proyecto:

Maestría/Magister:1

Doctorado:1

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: ROBELLO, C., RODRIGUEZ, M., ALVAREZ-VALIN, F. (Responsable)

Palabras clave: trypanosoma, variación antigénica

Areas de conocimiento:

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

SECUENCIACIÓN MASIVA DE ESTIRPES DEL VIRUS INFLUENZA A: SU IMPACTO EN LA FORMULACIÓN DE VACUNAS, RESISTENCIA ANTI-VIRAL, VIRUS EMERGENTES Y MEDIDAS DE SALUD PÚBLICA. (03/2012 - 12/2019)

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

5 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: ROBELLO, C., MORATORIO, G., MORENO, P., CRISTINA, J. (Responsable)

Palabras clave: Influenza secuenciado masivo

Areas de conocimiento:

US-LACRN Perfil Molecular de Cáncer de Mama (MPBC) (03/2011 - 12/2019)

Participación en el proyecto multicéntrico US-LACRN: Perfil Molecular de Cáncer de Mama en mujeres Lationamericanas. Países participantes: México, Argentina, Brasil, Chile, Uruguay y Estados Unidos.

1 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

Financiación:

Nacional Institute for Health, Estados Unidos, Apoyo financiero

Equipo: GREIF, G.

Palabras clave: Cancer de mama Lationamerica microarrays

Areas de conocimiento:

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

Alternativas tecnológicas de alto impacto para el diagnóstico temprano y vigilancia de tuberculosis bovina (10/2014 - 12/2018)

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

5 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

En Marcha

Equipo: ROBELLO, C. , NAYA, H. , NUÑEZ, A. (Responsable) , GIL, A. , SUANES, A. , NEGRIN, N. , CASTRO, M. , GARIN, A. , PIAGGIO, J. , EASTON, MC

Areas de conocimiento:

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

Trypanosoma vivax : un modelo para comprender el origen de la variación antigénica en tripanosomas (03/2007 - 03/2010)

La tripanosomiasis Africana (enfermedad del sueño) aflige a unos 5 millones de personas y tiene un fuerte impacto sanitario y/o económico en los países afectados pues también perjudica la ganadería (variante llamada Nagana). Los tripanosomas africanos presentan una cubierta celular que contiene 107 moléculas de glicoproteínas variables de superficie (VSGs). Estas glicoproteínas son la base de la variación antigénica la cual permite a estos parásitos evadir la respuesta inmune de mamíferos. Lo logran cambiando en forma secuencial el gen VSG que es expresado, a partir de un repertorio de 1000 genes diferentes. Un aspecto remarcable es que las distintas proteínas VSG presentan identidades aminoacídicas inferiores al 20%. Tan baja identidad dificulta la identificación de nuevos genes Institución Monto aprobado Fecha desde Fecha hasta Responsable VSG usando los métodos tradicionales basados en homología. Proponemos identificar el repertorio de genes VSG en Trypanosoma vivax (introducido en Sudamérica a mediados del siglo XIX y se expandió rápidamente), desarrollando aplicaciones bioinformáticas basadas en métodos conocidos como ? machine learning?. Estos métodos usan un ?set de entrenamiento? consistente en un grupo de secuencias conocidas a partir del cual extraen ?propiedades estadísticas? que permiten clasificar

nuevas secuencias que no sabemos a que categoría pertenecen. Este proyecto tiene como objetivo central la construcción de dicho set de entrenamiento en T.vivax usando VSGs aisladas partir de ARNm. Estudios filogenéticos ubican a T.vivax como descendiente directo del ancestro de los tripanosomas africanos, por lo que la identificación y análisis de sus genes VSG ayudará a elucidar el origen de uno de los mecanismos de evasión inmune más eficientes.

10 horas semanales

Investigación

Integrante del Equipo

Concluido

Financiación:

Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay, Apoyo financiero

Equipo: ROBELLO, C. (Responsable), ALVAREZ-VALIN, F.

Palabras clave: Trypanosoma vivax, transcriptómica

Areas de conocimiento:

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

Trypanosoma, Secuenciación masiva

DIRECCIÓN Y ADMINISTRACIÓN

Consejero del Instituto PAsteur (01/2011 - 07/2011)

10 horas semanales

DOCENCIA

(11/2014 - 11/2014)

Doctorado

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Functional Genomics in biomedicine: 3rd Edition. Host-Pathogen interaction., 60 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

(11/2012 - 11/2012)

Doctorado

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

Biología Molecular de Tripanosomatidos, 60 horas, Teórico-Práctico

(07/2012 - 08/2012)

Doctorado

Organizador/Coordinador

Asignaturas:

"Generation of libraries for next generation sequencing", 60 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

Secuenciación masiva

PEDECIBA (11/2011 - 12/2011)

Doctorado

Asignaturas:

Functional genomics in biomedicine (2nd edition), 60 horas, Teórico-Práctico

(03/2009 - 04/2009)

Doctorado

Asignaturas:

Functional Genomics in Biomedicine, 40 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

CAPACITACIÓN/ENTRENAMIENTOS DICTADOS

(10/2014 - 10/2014)

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

Areas de conocimiento:

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

(06/2011 - 06/2011)

United States-Latin America Cancer Research Network Microarray Training Workshop
16 horas semanales

PASANTÍAS

Pasantía Fanny Russman. Argentina (08/2022 - 09/2022)

40 horas semanales

(10/2014 - 10/2014)

40 horas semanales

(03/2014 - 03/2014)

20 horas semanales

Areas de conocimiento:

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

SECTOR EMPRESAS/PRIVADO - EMPRESA PRIVADA - URUGUAY

ATGen SRL

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (04/2001 - 11/2009)

60 horas semanales

Socio Fundador de ATGen Sistemas Moleculares (www.atgen.com.uy). Integrante del Departamento de Investigación y Desarrollo y supervisor del área Producción (Abril 2001-Julio 2005). Desde Julio de 2005 me desempeño como Asesor Científico de ATGen-Celsius, dentro del área de Investigación y Desarrollo. Me desempeño asimismo como Jefe de Producción y supervisor técnico en el área de Servicios. Participación activa en la puesta en marcha del sistema de gestión de calidad de ATGen Sistemas Moleculares. El proceso finalizó con la obtención de la certificación ISO 9001-2000 y utilización de normas GMP (Mercosur y FDA) en agosto de 2007.

ACTIVIDADES

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

desarrollo de kits de diagnóstico de enfermedades genéticas en humanos (04/2001 - 11/2009)

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

20 horas semanales

ATGen, I+D , Integrante del equipo

Equipo:

Palabras clave: Kits

Areas de conocimiento:

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

PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN Y DESARROLLO

Productos de diagnóstico, cuantificación y análisis de ácidos nucleicos por PCR en Tiempo Real (03/2007 - 08/2008)

30 horas semanales

Desarrollo

Integrante del Equipo

Concluido

Equipo: SANGUINETTI, C (Responsable) , COTA, G. , DE LOS SANTOS, J.

Palabras clave: PCR Real Time

Areas de conocimiento:

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

Desarrollo de productos biotecnológicos para detección precoz de enfermedades humanas (06/2002 - 03/2005)

60 horas semanales

Desarrollo

Integrante del Equipo

Concluido

Equipo: SANGUINETTI, C (Responsable) , TUCCI, P

Areas de conocimiento:

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

DOCENCIA

(07/2003 - 07/2003)

Perfeccionamiento

Asignaturas:

PCR: una nueva herramienta en el diagnostico, 20 horas, Teórico-Práctico

Areas de conocimiento:

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

EXTENSIÓN

Responsable del CTAG (Centro Técnico de Análisis Genéticos) (05/2002 - 06/2007)

ATGen, I+D

10 horas

Areas de conocimiento:

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

CAPACITACIÓN/ENTRENAMIENTOS DICTADOS

ATGen, I+D (10/2007 - 11/2007)

Capacitación en Diagnóstico clínico basado en técnicas de amplificación de ácidos nucleicos
40 horas semanales

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Enfermedades Infecciosas / Biología Molecular

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

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PRIVADO - UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL URUGUAY - URUGUAY

Facultad de Ingeniería y Tecnologías

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (11/2004 - 07/2008)

Docente 1 hora semanal

Realización de cursos de Introducción a la Bioinformática para el Grupo de Bioinformática.

Participación en una tesis de grado como co-orientador y participación en 2 tribunales del trabajo final de la carrera de Ingeniería en Informática

ACTIVIDADES**DOCENCIA****(03/2005 - 11/2007)**

Grado

Asignaturas:

Introducción a la Bioinformática, 4 horas, Teórico

Areas de conocimiento:

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

SECTOR EDUCACIÓN SUPERIOR/PÚBLICO - UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA - URUGUAY

Facultad de Ciencias

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN**Funcionario/Empleado (01/2004 - 12/2006)**

Ayudante Grado 1 Sección Bioquímica 20 horas semanales

Sección Bioquímica del Departamento de Biología Celular y Molecular.

Escalafón: Docente

Grado: Grado 1

Cargo: Interino

ACTIVIDADES**LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN****Estudio de Degradación de Proteínas por el Sistema Proteasoma Ubiquitina (01/2004 - 12/2006)**

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

20 horas semanales

Facultad de Ciencias, Sección Bioquímica , Integrante del equipo

Equipo:

Palabras clave: estrés oxidativo ubiquitina trypanosoma

Areas de conocimiento:

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

DOCENCIA**Licenciatura en Ciencias Biológicas (01/2004 - 12/2006)**

Grado

Asignaturas:

Bioquímica General, 20 horas, Práctico

Biología Molecular, 20 horas, Práctico

Areas de conocimiento:

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

Licenciatura en Bioquímica (01/2004 - 12/2006)

Grado

Asignaturas:

Bioquímica I, 20 horas, Teórico-Práctico

Genética Molecular, 20 horas, Práctico

Áreas de conocimiento:

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

Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA) (03/2006 - 03/2006)

Maestría

Asignaturas:

Análisis de la expresión génica durante el desarrollo de platelmintos, 20 horas, Teórico

Áreas de conocimiento:

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

Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA) (11/2005 - 11/2005)

Maestría

Asignaturas:

Técnicas moleculares y radioisotópicas aplicadas al diagnóstico de patologías humanas, 20 horas, Teórico

Áreas de conocimiento:

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

Maestría en Ciencias Biológicas (UDELAR-PEDECIBA) (10/2005 - 10/2005)

Maestría

Asignaturas:

Control de Calidad de proteínas: Plegamiento o Degradación, 20 horas, Teórico

Áreas de conocimiento:

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

EXTENSIÓN

Participación del Claustro por Orden de Egresados (01/2004 - 12/2006)

Facultad de Ciencias, Claustro

2 horas

SECTOR ENSEÑANZA TÉCNICO-PROFESIONAL/SECUNDARIA/PÚBLICO - ADMINISTRACIÓN NACIONAL DE EDUCACIÓN PÚBLICA - URUGUAY

Centro Regional de Profesores

VÍNCULOS CON LA INSTITUCIÓN

Funcionario/Empleado (10/2004 - 03/2005)

Docente 20 horas semanales

Responsable del curso Bioquímica, Biología Celular y Genética

ACTIVIDADES

DOCENCIA

(10/2004 - 03/2005)

Técnico nivel superior

Asignaturas:

Bioquímica, Biología Celular y Genética., 20 horas, Teórico-Práctico

Áreas de conocimiento:

EXTENSIÓN

Charlas a alumnos de Liceo de Flores (12/2004 - 12/2004)

CERP, Bioquímica y Biología Molecular

2 horas

Áreas de conocimiento:

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

CARGA HORARIA

Carga horaria de docencia: Sin horas

Carga horaria de investigación: 40 horas

Carga horaria de formación RRHH: Sin horas

Carga horaria de extensión: Sin horas

Carga horaria de gestión: Sin horas

Producción científica/tecnológica

Desde mi formación de grado y posgrado he trabajado en el área de la Biología Molecular aplicada en las Ciencias de la Salud enfocado principalmente en el área del desarrollo, con aportes en el área básica. En el año 2001 fundé junto con tres investigadores la empresa ATGen Sistemas Moleculares (siendo la primera start-up incubada en la Facultad de Ciencias hoy se constituye como una empresa reconocida a nivel nacional que genera empleo a más de 40 personas en el área de la Biología Molecular y Biotecnología). En dicha empresa continué trabajando hasta fines de 2009 participando activamente en la formulación de proyectos y en los procesos de certificación de calidad, obteniendo un perfil diferencial en mi formación.

En octubre de 2006 me incorporé a la Unidad de Biología Molecular (UBM) del Institut Pasteur de Montevideo donde finalicé mi formación de posgrado (Maestría -2008- y Doctorado -2015-) enfocado en el estudio de parásitos tripanosomátidos y culminando con un perfil particular que incluye tanto el trabajo en el laboratorio húmedo como la bioinformática.

Llevé adelante trabajos relacionados a la Tuberculosis en el área genómica en colaboración con la Comisión Honoraria de Lucha Anti-Tuberculosa. En esta línea, trabajamos generando herramientas de utilidad en el diagnóstico y pronóstico de la tuberculosis a nivel molecular y por otra parte realizamos un aporte a nivel de la epidemiología molecular de la enfermedad. En este contexto se han publicado varios artículos en revistas arbitradas nacionales e internacionales, en las cuales he participado activamente en la concepción, diseño y desarrollo de experimentos y escritura.

También realicé diversas colaboraciones en otros temas, no solamente desde un punto de vista técnico, sino también participando activamente en el diseño y análisis de datos, que dieron lugar a diversas publicaciones en las cuales soy coautor.

En la actualidad mi trabajo se enfoca en la continuación de las líneas de investigación desarrolladas durante mi posgrado. En particular, en estudios de genómica comparativa en el parásito causante de la enfermedad de Chagas, *Trypanosoma cruzi*. En este sentido, en el año 2021, mediante concurso obtuve el cargo de Investigador Adjunto Senior en el Instituto Pasteur que me permitirá llevar adelante esta línea de investigación durante los próximos 4 años en el Laboratorio de Interacciones Hospedero-Patógeno.

Soy investigador categorizado en el SNI desde 2013, accediendo al Nivel I en el año 2017. Desde 2016 soy Investigador de Pedeciba pasando a Grado 4 en el año 2023.

Producción bibliográfica

ARTÍCULOS PUBLICADOS

ARBITRADOS

The complete genome of *Trypanosoma cruzi* reveals 32 chromosomes and three genomic compartments (Completo, 2026) Trabajo relevante

G. GREIF, M.L. CHIRIBAO, F. DÍAZ-VIRAQUÉ, CARLOS E. SANZ-RODRÍGUEZ, C. ROBELLO

BMC Genomics, 2026
Palabras clave: genomics trypanosoma cruzi telomere-to-telomere
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United kingdom
E-ISSN: 14712164
DOI: [10.1186/s12864-025-12482-0](https://doi.org/10.1186/s12864-025-12482-0)
<https://doi.org/10.1186/s12864-025-12482-0>
First Telomere-to-Telomere assembly of Trypanosoma cruzi genome
WEB OF SCIENCE™

Comparative maxicircle analysis in Trypanosoma species from the LSRM clade highlights patterns in an underexplored lineage (Completo, 2025)

FANNY RUSMAN , VALERIA ARAMAYO , NOELIA FLORIDIA-YAPUR , ANAHÍ GUADALUPE DÍAZ , TATIANA PONCE , SOLEDAD HODI , JUAN JOSÉ AGUIRRE , GONZALO GREIF , LUISA BERNÁ , CARLOS ROBELLO , PATRICIO DIOSQUE , NICOLÁS TOMASINI
PLoS ONE, v.: 20 2025
Palabras clave: trypanosoma evolucion mitocondria
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / bioinformática
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: United states
E-ISSN: 19326203
DOI: [10.1371/journal.pone.0332749](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0332749)
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0332749>
WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Molecular Detection of Insecticide Resistance-Associated Mutations in vgsc, ace-1, and rdl Genes of Anopheles albimanus in Panama (Completo, 2025)

CHYSTRIE A. RIGG , ANDRES CABRERA , VANESSA VÁSQUEZ , ANA MARÍA SANTAMARÍA , LORENZO CÁCERES , LISBETH A. HURTADO , GONZALO GREIF , JOSÉ E. CALZADA
Insects, v.: 16 p.:1115 2025
Palabras clave: Anopheles albimanus Panama insecticide-resistance mutations malaria
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Internet
Lugar de publicación: Switzerland
E-ISSN: 20754450
DOI: [10.3390/insects16111115](https://doi.org/10.3390/insects16111115)
<https://doi.org/10.3390/insects16111115>
WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Specific Mycobacterium tuberculosis Strain Circulating in Prison Revealed by Cost-Effective Amplicon Sequencing (Completo, 2024)

J. Hurtado , MNBENTANCOR , Laserra, P , Coitinho C. , GREIF, G.
Microorganisms, v.: 12 5 , 2024
Palabras clave: tuberculosis; epidemiology; amplicon sequencing
Areas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Enfermedades Infecciosas / epidemiología
Medio de divulgación: Internet
E-ISSN: 20762607
DOI: [10.3390/microorganisms12050999](https://www.mdpi.com/2076-2607/12/5/999)
<https://www.mdpi.com/2076-2607/12/5/999>
Abstract This scientific study focuses on tuberculosis (TB) within prison settings, where persons deprived of liberty (PDL) face significantly higher rates of the disease compared to the general population. The research employs the low-cost amplicon sequencing of Mycobacterium tuberculosis strains, aiming first to identify specific lineages and also to detect mutations associated with drug resistance. The method involves multiplex amplification, DNA extraction, and sequencing, providing valuable insights into TB dynamics and resistance-mutation profiles within the prison system at an affordable cost. The study identifies a characteristic lineage (X) circulating among PDLs in the penitentiary system in Uruguay, absent in the general population, and notes its prevalence at prison entry. No high-confidence mutations associated with drug resistance were found. The findings underscore the importance of molecular epidemiology in TB control, emphasizing the potential for intra-prison transmissions and the need for broader studies to

understand strain dynamics.



Developing a DNA metabarcoding method to identify diet taxa in Neotropical foxes (Completo, 2024)

Manisse, N , COSSE, M. , GREIF, G. , BOU, N. , ROBELLO, C. , GONZÁLEZ, S. , IRIARTE A.

Frontiers in Ecology and Evolution, v.: 1122 2024

Palabras clave: DNA sequencing metabarcoding ecology

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 2296701X

DOI: [10.3389/fevo.2024.1360714](https://doi.org/10.3389/fevo.2024.1360714)

[https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fevo.2024.1360714/full?](https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fevo.2024.1360714/full?utm_source=Email_to_authors_&utm_medium=email_&utm_campaign=Email_confirmation_)

[&utm_source=Email_to_authors_&utm](https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fevo.2024.1360714/full?utm_source=Email_to_authors_&utm_medium=email_&utm_campaign=Email_confirmation_)



Improved serodiagnosis of Trypanosoma vivax infections in cattle reveals high infection rates in the livestock regions of Argentina (Completo, 2024)

Bontempi, IA , Arias, DG , Castro, GV , Peverengo, LM , Díaz, GF , Allassia, M , GREIF, G. , Marcipar, I
PLOS Neglected Tropical Diseases, 2024

Palabras clave: Animal tripanosomiasis trypanosoma vivax diagnostic

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 19352727

E-ISSN: 19352735

DOI: [10.1371/journal.pntd.0012020](https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012020)

Bovine trypanosomosis is a disease that threatens cattle health and agriculture in South America and Africa. It is mainly caused by the parasite *Trypanosoma vivax*. Diagnosis of this infection has been challenging, hampering efforts to monitor and control outbreaks. In this study, we developed a more accurate and sensitive test for detecting *T. vivax* in cattle. Using recombinant proteins tailored to parasite strains in the Americas, this new test can identify infection rates and patterns within cattle herds and regions. By analyzing over 800 cattle blood samples from Argentina ranchlands, we discovered over 50% seropositivity, indicating a far higher prevalence than previously recognized. These results highlight the urgent need for surveillance and preventive strategies, although diagnostic tools provide a means for tracking regional spread. By enhancing the diagnosis of this livestock disease, this study lays the foundation for protecting cattle health and associated livelihoods across at-risk communities in the developing world. This study exemplifies how molecular innovations can address veterinary challenges and promote food security within resource-constrained farming systems.



Closing the gap: prognostic and predictive biomarker validation for personalized care in a Latin American hormone-dependent breast cancer cohort (Completo, 2024)

DANIELA ALVES DA QUINTA , DARÍO ROCHA , JAVIER RETAMALES , DIEGO GIUNTA , NORA ARTAGAVEYTIA , CARLOS VELAZQUEZ , ADRIAN DANERI-NAVARRO , BETTINA MÜLLER , ELIANA ABDELHAY , ALICIA I BRAVO , MÓNICA CASTRO , CRISTINA ROSALES , ELSA ALCOBA , GABRIELA ACOSTA HAAB , FERNANDO CARRIZO , IRENE SORIN , ALEJANDRO DI SIBIO , MÁRCIA MARQUES-SILVEIRA , RENATA BINATO , BENEDICTA CASERTA , GONZALO GREIF , ALICIA DEL TORO-ARREOLA , ANTONIO QUINTERO-RAMOS , JORGE GÓMEZ , OSVALDO L PODHAJECER , ELMER A FERNÁNDEZ , UNDEFINED UNDEFINED , ANDREA S LLERA

The Oncologist, 2024

Palabras clave: Cancer Molecular Profile

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Clínica / Oncología /

Medio de divulgación: Internet

Lugar de publicación: United states

ISSN: 10837159

E-ISSN: 1549490X

DOI: [10.1093/oncolo/oyae191](https://doi.org/10.1093/oncolo/oyae191)

<http://dx.doi.org/10.1093/oncolo/oyae191>

Proyecto multinacional US-LACRN



Mycobacterium tuberculosis evolution from monoresistance to pre-extensive drug resistance during a prolonged household outbreak (Completo, 2024)

GREIF, G. , Coitinho C. , MNBENTANCOR, ROBELLO, C.

Journal of Clinical Tuberculosis and Other Mycobacterial Diseases, 2024

Palabras clave: Tuberculosis Epidemiology Drug resistance

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Enfermedades Infecciosas / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 24055794

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jctube.2024.100482>

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S240557942400069X>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Serum-derived host miR-423-5p and miR-378a-3p as molecular markers for severe tuberculosis: a promising prognostic tool for survival (Completo, 2024) Trabajo relevante

JOAQUIN HURTADO , MARÍA BURONI , ALVARO GIORDANO , NIN N , HURTADO J, HURTADO FJ , TOSAR, J.P. , ROBELLO, C. , GONZALO GREIF

Frontiers in Tuberculosis, v.: 2 2024

Palabras clave: tuberculosis biomarkers miRNA

Areas de conocimiento:

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

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

E-ISSN: 28137868

DOI: [10.3389/ftubr.2024.1441258](https://doi.org/10.3389/ftubr.2024.1441258)

<http://dx.doi.org/10.3389/ftubr.2024.1441258>



Trypanosoma cruzi Isolates Naturally Adapted to Congenital Transmission Display a Unique Strategy of Transplacental Passage (Completo, 2023)

FARAL-TELLO, P , GREIF, G. , Romero, S. , Cabrera, A. , Oviedo, C. , Gonzalez, T. , LIBISCH.G o LIBISCH.MG , AREVALO AP. , Varela, B. , VERDES JM , M. CRISPO , BASMADJIAN YESTER , ROBELLO, C.

Microbiology Spectrum, 2023

Palabras clave: Trypanosoma cruzi Transmisión congénita Chagas

Areas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 21650497

DOI: [10.1128/spectrum.02504-22](https://doi.org/10.1128/spectrum.02504-22)

<https://journals.asm.org/doi/10.1128/spectrum.02504-22>

Abstract Chagas disease is mainly transmitted by vertical transmission (VT) in nonendemic areas and in endemic areas where vector control programs have been successful. For the present study, we isolated natural *Trypanosoma cruzi* strains vertically transmitted through three generations and proceeded to study their molecular mechanism of VT using mice. No parasitemia was detected in immunocompetent mice, but the parasites were able to induce an immune response and colonize different organs. VT experiments revealed that infection with different strains did not affect mating, pregnancy, or resorption, but despite low parasitemia, VT strains reached the placenta and resulted in higher vertical transmission rates than strains of either moderate or high virulence. While the virulent strain modulated more than 2,500 placental genes, VT strains modulated 150, and only 29 genes are shared between them. VT strains downregulated genes associated with cell division and replication and upregulated immunomodulatory genes, leading to anti-inflammatory responses and tolerance. The virulent strain stimulated a strong proinflammatory immune response, and this molecular footprint correlated with histopathological analyses. We describe a unique placental response regarding the passage of *T. cruzi* VT isolates across the maternal-fetal interphase, challenging the current knowledge derived mainly from studies of laboratory-adapted or highly virulent strains. IMPORTANCE The main findings of this study are that we determined that there are *Trypanosoma cruzi* strains adapted to transplacental transmission and completely different from the commonly used laboratory reference strains. This implies a specific strategy for the vertical transmission of Chagas disease. It is impressive that the strains specialized for vertical transmission modify the gene expression of the placenta in a totally different way than the reference strains. In addition, we describe isolates of *T. cruzi* that cannot be transmitted transplacentally. Taken together, these results open up new insights into the molecular mechanisms of this insect vector-independent transmission form.

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Canine leproid granuloma caused by a member of the Mycobacterium tuberculosis complex (Completo, 2023)

Giannitti, F., Dorsch M. A., FERNÁNDEZ, S., Rabaza A., Vazquez, S., César, D., J. Hurtado, GREIF, G., Rabeneck, D., Bhatnagar, J., Ritter, J.

Journal of Veterinary Diagnostic Investigation, 2023

Palabras clave: Tuberculosis bovis

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 10406387

E-ISSN: 19434936

DOI: [10.1177/1040638723117681](https://doi.org/10.1177/1040638723117681)

<https://journals.sagepub.com/doi/10.1177/1040638723117681>

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Wound healing and anti-oxidant activities induced by an alginate hydrogel-based ointment. (Completo, 2023)

BASIKA, T., GREIF, G., GIUSTI, M., BOLLATI-FOGOLIN M

Brazilian Journal of Health Review, v.: 6 5, p.:24294 - 24315, 2023

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 25956825

DOI: [10.34119/bjhrv6n5-480](https://doi.org/10.34119/bjhrv6n5-480)



A comparative NMR-based metabolomics study of lung parenchyma of severe COVID-19 patients (Completo, 2023)

J. Hurtado, López-Radcenco, A., Izquierdo-García J.L., Rodríguez, F., GREIF, G., Moyna, G., NIN N

Frontiers in Molecular Biosciences, v.: 10 2023

Palabras clave: NMR metabolomics Covid

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 2296889X

DOI: [10.3389/fmolb.2023.1295216](https://doi.org/10.3389/fmolb.2023.1295216)

[https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmolb.2023.1295216/full?](https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmolb.2023.1295216/full?utm_source=Email_to_authors_&)

[&utm_source=Email_to_authors_&](https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmolb.2023.1295216/full?utm_source=Email_to_authors_&)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Molecular Detection of Trypanosoma kaiowa in Tabanus triangulum (Diptera: Tabanidae) from the Coastal Plain of Rio Grande do Sul, Southern Brazil. (Completo, 2022)

Rodrigues, G.D., Blodorn, E., Zafalon-Silva, A., Domingues, W., Marques, R., Krolow, T.K., GREIF, G., Campos, V.F., Krüger, R.F

Acta Parasitologica, v.: 67 1, p.:518 - 522, 2022

Palabras clave: Trypanosoma tabanus

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Otros Tópicos Biológicos / Parasitología

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 12302821

E-ISSN: 18961851

DOI: [10.1007/s11686-021-00440-1](https://doi.org/10.1007/s11686-021-00440-1)

Abstract Purpose: The species of the genus Trypanosoma are carried and transmitted by horseflies parasitizing a high diversity of vertebrates. In the Coastal Plain of Rio Grande do Sul, southern Brazil, Tabanus triangulum is the most abundant species and, similarly to the other species of horseflies, there is little knowledge about its vector competence. Therefore, this study aimed to screen the field-collected T. triangulum for the presence of Trypanosoma, to estimate infectivity.

Methods: Horseflies were sampled by the Malaise trap in the forest fragments at the coastal plain and DNA was extracted from whole body flies. The Polymerase Chain Reaction was performed.

Results: Horseflies presented amplification of 18S ribosomal gene-specific of Trypanosoma species.

DNA sequencing and phylogenetic analysis positioned the strains in the Kaiowa clade with Trypanosoma kaiowa, associated with the crocodylian clade of Trypanosoma.

Conclusion: This study represents the first report of the presence of the Tr. kaiowa in T. triangulum and the expansion of the parasite's range further south in South America.

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

The Transcriptomic Portrait of Locally Advanced Breast Cancer and Its Prognostic Value in a Multi-

Country Cohort of Latin American Patients (Completo, 2022)

LLera, A., Furquim Werneck A.S., Artagaveytia, N., Daneri-Navarro, A., Muller, B., Velazquez, C., Alcoba, E.B., Alonso, I., Alves da Quinta, D.B., Binato, R., Bravo, A.I., Camejo, N., Carraro, D.M., Castro, M., Castro-Cervantes, J.M., Cataldi, S., CAYOTA, A., Cerda, M., Colombo, A., Crocarno, S., Del Toro-Arreola, A., Delgadillo-Cisterna, R., Delgado, L., Dreyer-Breitenbach, M., Fejerman, L., Fernández, E.A., Fernández J., Fernández W., Franco-Topete, R.A., Gabay, C., Gaete, F., Garibay-Escobar, A., Gómez, J., GREIF, G., Gross, T. G., Guerrero, M., Henderson, M. K., Lopez-Muñoz, M. E., Lopez-Vazquez, A., Maldonado, S., Morán-Mendoza, A. J., Nagai, M.A., Ocegüera-Villanueva, A., Ortiz-Martínez, M.A., Quintero J., Quintero-Ramos, A., Reis R. M., Retamales, J., Rivera-Claisse, E., Rocha D., Rodríguez R., Rosales C., Salas-González E., Sanchotena V., Segovia L., Sendoya J. M., Silva-García, A. A., Trincherro, A., Valenzuela O., Vedham V., Zagame L., United States-Latin American Cancer Research Network (US-LACRN), Podhajcer, O. L.

Frontiers in Oncology, v.: 12 2022

Palabras clave: breast cancer latin america molecular profiling

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 2234943X

DOI: [10.3389/fonc.2022.835626](https://doi.org/10.3389/fonc.2022.835626)

https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fonc.2022.835626/full?utm_source=F-NTF&utm_medium=EMLX&

ABSTRACT=Purposes Most molecular-based published studies on breast cancer do not adequately represent the unique and diverse genetic admixture of the Latin American population. Searching for similarities and differences in molecular pathways associated with these tumors and evaluating its impact on prognosis may help to select better therapeutic approaches. Patients and Methods We collected clinical, pathological, and transcriptomic data of a multi-country Latin American cohort of 1,071 stage II-III breast cancer patients of the Molecular Profile of Breast Cancer Study (MPBCS) cohort. The 5-year prognostic ability of intrinsic (transcriptomic-based) PAM50 and immunohistochemical classifications, both at the cancer-specific (OSC) and disease-free survival (DFS) stages, was compared. Pathway analyses (GSEA, GSVA and MetaCore) were performed to explore differences among intrinsic subtypes. Results PAM50 classification of the MPBCS cohort defined 42.6% of tumors as LumA, 21.3% as LumB, 13.3% as HER2E and 16.6% as Basal. Both OSC and DFS for LumA tumors were significantly better than for other subtypes, while Basal tumors had the worst prognosis. While the prognostic power of traditional subtypes calculated with hormone receptors (HR), HER2 and Ki67 determinations showed an acceptable performance, PAM50-derived risk of recurrence best discriminated low, intermediate and high-risk groups. Transcriptomic pathway analysis showed high proliferation (i.e. cell cycle control and DNA damage repair) associated with LumB, HER2E and Basal tumors, and a strong dependency on the estrogen pathway for LumA. Terms related to both innate and adaptive immune responses were seen predominantly upregulated in Basal tumors, and, to a lesser extent, in HER2E, with respect to LumA and B tumors. Conclusions This is the first study that assesses molecular features at the transcriptomic level in a multicountry Latin American breast cancer patient cohort. Hormone-related and proliferation pathways that predominate in PAM50 and other breast cancer molecular classifications are also the main tumor-driving mechanisms in this cohort and have prognostic power. The immune-related features seen in the most aggressive subtypes may pave the way for therapeutic approaches not yet disseminated in Latin America. Clinical Trial Registration [ClinicalTrials.gov](https://clinicaltrials.gov/ct2/show/study/NCT02326857) (Identifier: NCT02326857).

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Genomic and proteomic analysis of *Tausonia pullulans* reveals a key role for a GH15 glucoamylase in starch hydrolysis (Completo, 2022)

Trochine, A., Bellora, N., Nizovoy, P., DURÁN, R., GREIF, G., de García, V., BATTHYANY, C., ROBELLO, C.

Applied Microbiology and Biotechnology, 2022

Palabras clave: *Tausonia pullulans* genome CAZymes


Medio de divulgación: Internet

ISSN: 01757598

E-ISSN: 14320614

DOI: [10.1007/s00253-022-12025-7](https://doi.org/10.1007/s00253-022-12025-7)

<https://link.springer.com/article/10.1007/s00253-022-12025-7>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Socioeconomic, Clinical, and Molecular Features of Breast Cancer Influence Overall Survival of Latin American Women (Completo, 2022)

de Almeida, L.M., Cortes, S., GREIF, G., NC, Jones, B.

Frontiers in Oncology, 2022

Palabras clave: cancer cancer de mama latinoamerica

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 2234943X

DOI: [10.3389/fonc.2022.845527](https://doi.org/10.3389/fonc.2022.845527)

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9071365/>

Listado de autores: Liz Maria de Almeida, corresponding author 1, *, ? Sandra Cortés, 2, ? Marta Vilensky, 3, ? Olivia Valenzuela, 4, ? Laura Cortes-Sanabria, 5, ? Mirian de Souza, 1, ? Rafael Alonso Barbeito, 6, ? Eliana Abdelhay, 1, § Nora Artagaveytia, 7, § Adrian Daneri-Navarro, 8, § Andrea S. Llera, 9, § Bettina Müller, 10, § Osvaldo L. Podhajcer, 9, § Carlos Velazquez, 4, § Elsa Alcoba, 11, ? Isabel Alonso, 12, ? Alicia I. Bravo, 13, ? Natalia Camejo, 7, ? Dirce Maria Carraro, 14, ? Mónica Castro, 3, ? Sandra Cataldi, 15, ? Alfonso Cayota, 16, ? Mauricio Cerda, 17, ? Alicia Colombo, 17, ? Susanne Crocama, 1, ? Alicia Del Toro-Arreola, 8, ? Raul Delgadillo-Cristerna, 5, ? Lucia Delgado, 7, ? Marisa Dreyer Breitenbach, 18, § Elmer Fernández, 19, ? Jorge Fernández, 20, ? Wanda Fernández, 21, ? Ramon A. Franco-Topete, 22, ? Fancy Gaete, 23, ? Jorge Gómez, 24, § Leivy P. Gonzalez-Ramirez, 8, ? Marisol Guerrero, 25, ? Susan A. Gutierrez-Rubio, 8, ? Beatriz Jalfin, 13, ? Alejandra Lopez-Vazquez, 4, ? Dora Loria, 3, ? Silvia Míguez, 11, ? Andres de J. Moran-Mendoza, 26, ? Gilberto Morgan-Villela, 5, ? Carina Mussetti, 27, ? Maria Aparecida Nagai, 28, ? Antonio Ocegüera-Villanueva, 29, ? Rui M. Reis, 30, ? Javier Retamales, 31, ? Robinson Rodriguez, 32, ? Cristina Rosales, 11, ? Efrain Salas-Gonzalez, 25, ? Laura Segovia, 33, ? Juan M. Sendoya, 9, ? Aida A. Silva-Garcia, 22, ? Stella Viña, 3, ? Livia Zagame, 29, ? Beth Jones, 34, ? Moysés Szklo, 35, ? and United States-Latin American Cancer Research Network (US-LACRN) ¶ Trabajo en autoría como miembro del United States-Latin American Cancer Research Network (US-LACRN).

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Origin of New Lineages by Recombination and Mutation in Avian Infectious Bronchitis Virus from South America (Completo, 2022)

MARANDINO A, Vagnozzi, A., TOMÁS, G, TECHERA C, Gerez, R., Hernandez, M., Williman, J., Realpe, M., GREIF, G., PANZERA, Y., Perez, R.

Viruses, v.: 14 2022

Palabras clave: virus Avian Bronchitis Virus phylogenetics

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Bioinformática, Genómica

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 19994915

DOI: <https://doi.org/10.3390/v14102095>

<https://www.mdpi.com/journal/viruses>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Reevaluation of the *Toxoplasma gondii* and *Neospora caninum* genomes reveals misassembly, karyotype differences and chromosomal rearrangements (Completo, 2021)

BERNA, L., MÁRQUEZ, P., Cabrera, A., GREIF, G., MARIA E FRANCIA, ROBELLO, C.

Genome Research, 2021

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 10889051

DOI: [10.1101/gr.262832.120](https://doi.org/10.1101/gr.262832.120)

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Different kinetoplast degradation patterns in American *Trypanosoma vivax* strains: Multiple independent origins or fast evolution? (Completo, 2021) Trabajo relevante

GREIF, G., Rodriguez, M., Bontempi, I., ROBELLO, C., ALVAREZ-VALIN, F

Genomics, 2021

Palabras clave: kinetoplasto trypanosoma vivax evolución genómica

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 08887543

E-ISSN: 10898646

DOI: [10.1016/j.ygeno.2020.12.037](https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2020.12.037)

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Clinical and epidemiological features of tuberculosis isolated from critically ill patients (Completo,

2021)

Hurtado, J., Coitinho, C., NIN N, Maria Bironi, HURTADO J, HURTADO FJ, ROBELLO, C., GREIF, G.

Revista Argentina de Microbiología, 2021

Palabras clave: Tuberculosis Epidemiología CTI

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Biología Molecular

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 03257541

DOI: [10.1016/j.ram.2021.02.011](https://doi.org/10.1016/j.ram.2021.02.011)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®  

Whole genome sequencing reveals a frameshift mutation and a large deletion in YY1AP1 in a girl with a panvascular artery disease (Completo, 2021)

Raggio, V., N DELLOCA, Camila Simoes, Tapié, A., MEDICI C, Costa, G., Rodriguez, S., GREIF, G., Garrone, E., Rovella, ML, Gonzalez, V., Halty M, Gonzalez, G., Shin, J-Y., Shin, S-Y, Kim, C., Seo, J-S., GRAÑA, M., NAYA, H., Spangenberg, L.

Human Genomics, v.: 15 28, 2021

Palabras clave: Medical genomics Bioinformatics Neurology WGS

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 14739542

E-ISSN: 14797364

DOI: [10.1186/s40246-021-00328-1](https://doi.org/10.1186/s40246-021-00328-1)

WEB OF SCIENCE™ Scopus® 

Nanopore Long Read DNA Sequencing of Protozoan Parasites: Hybrid Genome Assembly of Trypanosoma cruzi (Completo, 2021)

Díaz-Viraqué F, GREIF, G., BERNA, L., ROBELLO, C.

Methods in molecular biology, p.:3 2021

Palabras clave: sequencing host-parasite interaction

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 10643745

E-ISSN: 19406029

DOI: <https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1681-9>

This detailed book provides a comprehensive series of innovative research techniques and methodologies applied to the parasite genomics research area, all applying different approaches to analyzing parasite genomes and furthering the study of genetic complexity and the mechanisms of regulation. Beginning with chapters on novel sequencing and the bioinformatics pipeline, the volume continues by exploring diagnostic approaches using genomic tools, host-parasite interactions, as well as the genomics of parasite-derived extracellular vesicles. Written for the highly successful Methods in Molecular Biology series, chapters include introductions to their respective topics, lists of the necessary materials and reagents, step-by-step, readily reproducible laboratory protocols, and tips on troubleshooting and avoiding known pitfalls. Authoritative and practical, Parasite Genomics: Methods and Protocols creates a detailed picture of genomic approaches for researchers seeking a better understanding of characterizing parasite nucleic acid content.

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Maxicircle architecture and evolutionary insights into Trypanosoma cruzi complex (Completo, 2021)

BERNA, L., GREIF, G., PITA, S, FARAL-TELLO, P, Díaz-Viraqué F, De Cássia Moreira De Souza, R., Vallejo, G.A., ALVAREZ-VALIN, F, ROBELLO, C.

PLoS Neglected Tropical Diseases, v.: 15 8, 2021

Palabras clave: Trypanosoma cruzi Evolution Kinetoplastid Maxicircle Genome Phylogenetics

Areas de conocimiento:

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

Bioinformática

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 19352735

DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009719>

<https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0009719>

We sequenced maxicircles from *T. cruzi* strains representative of the species evolutionary diversity by using long-read sequencing, which allowed us to uncollapse their repetitive regions, finding that their real lengths range from 35 to 50 kb. *T. cruzi* maxicircles have a common architecture composed of four regions: coding region (CR), AT-rich region, short (SR) and long repeats (LR).

Distribution of genes, both in order and in strand orientation are conserved, being the main differences the presence of deletions affecting genes coding for NADH dehydrogenase subunits, reinforcing biochemical findings that indicate that complex I is not functional in *T. cruzi*. Moreover, the presence of complete minicircles into maxicircles of some strains lead us to think about the origin of minicircles. Finally, a careful phylogenetic analysis was conducted using coding regions of maxicircles from up to 29 strains, and 1108 single copy nuclear genes from all of the DTUs, clearly establishing that taxonomically *T. cruzi* is a complex of species composed by group 1 that contains clades A (TcI), B (TcIII) and D (TcIV), and group 2 (1 and 2 do not coincide with groups I and II described decades ago) containing clade C (TcII), being all hybrid strains of the BC type. Three variants of maxicircles exist in *T. cruzi*: a, b and c, in correspondence with clades A, B, and C from mitochondrial phylogenies. While A and C carry maxicircles a and c respectively, both clades B and D carry b maxicircle variant; hybrid strains also carry the b-variant. We then propose a new nomenclature that is self-descriptive and makes use of both the phylogenetic relationships and the maxicircle variants present in *T. cruzi*.

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

GH overexpression alters spermatid cells microRNAome profile in transgenic zebrafish (Completo, 2021)

Domingues, W.B. , Da Silveira, T. , Nunes, L. S. , Blodorn, E.B. , Schneider, A. , Corcini, C.D. , Varela Junior, A.S. , Acosta, I.B. , Kütter, M.T. , GREIF, G. , ROBELLO, C. , Pinhal, D. , Marins, L.F. , Campos, V.F.

Frontiers in Genetics, 2021

Palabras clave: non-coding RNAs epigenetic danio rerio miRNA-seq sperm motility 3

Áreas de conocimiento:

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


Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 16648021

DOI: [10.3389/fgene.2021.704778](https://doi.org/10.3389/fgene.2021.704778)

<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2021.704778/abstract>

Overexpression of growth hormone (GH) in gh-transgenic zebrafish of a highly studied lineage F0104 has earlier been reported to cause increased muscle growth. In addition to this, GH affects a broad range of cellular processes in transgenic fish, such as morphology, physiology, and behavior. Reports show changes such as decreased sperm quality and reduced reproductive performance in transgenic males. It is hypothesized that microRNAs are directly involved in the regulation of fertility potential during spermatogenesis. The primary aim of our study was to verify whether gh overexpression disturbs the sperm miRNA profile and influences the sperm quality in transgenic zebrafish. We report a significant increase in body weight of gh-transgenic males along with associated reduced sperm motility and other kinetic parameters in comparison to the non-transgenic group. MicroRNA transcriptome sequencing of gh-transgenic zebrafish sperms revealed expressions of 186 miRNAs, among which six miRNAs were up-regulated (miR-146b, miR-200a-5p, miR-146a, miR-726, miR-184, and miR-738) and sixteen were down-regulated (miR-19d-3p, miR-126a-5p, miR-126b-5p, miR-22a-5p, miR-16c-5p, miR-20a-5p, miR-126b-3p, miR-107a-3p, miR-93, miR-2189, miR-202?5p, miR-221?3p, miR-125a, miR-125b-5p, miR-126a-3p, and miR-30c-5p) in comparison to non-transgenic zebrafish. Some of the dysregulated miRNAs were previously reported to be related to abnormalities in sperm quality and reduced reproduction ability in other species. In this study, an average of 134 differentially expressed miRNAs-targeted genes were predicted using the in-silico approach. Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway enrichment analysis demonstrated that the genes of affected pathways were primarily related to spermatogenesis, sperm motility, and cell apoptosis. Our results suggested that excess GH caused a detrimental effect on sperm microRNAome, consequently reducing the sperm quality and reproductive potential of zebrafish males.

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Indigenous Ancestry and Admixture in the Uruguayan Population (Completo, 2021)

Spangenberg, L, FARIELLO, M.I., DARIO ARCE ASENJO, Illanes, G., GREIF, G., Shin, J-Y, Yoo, S-K,

Seo, J-S , ROBELLO, C. , Kim, C. , November, J. , Sans, M. , Naya, H.
Frontiers in Genetics, 2021

Palabras clave: NGS ancestría uruguay

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 16648021

DOI: [10.3389/fgene.2021.733195](https://doi.org/10.3389/fgene.2021.733195)

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Filogeografía de mitogenomas indígenas de Uruguay (Completo, 2021)

Figueiro, G. , MUT P. , Ale, L. , Flores-Gutierrez, S. , GREIF, G. , Hidalgo, P.C. , Luna S. L. , Ackermann, E. , Negro, R.G. , Spangenberg, L. , Naya, H. , Sanz, M.

Revista Argentina de Antropología Biológica, 2021

Palabras clave: ngs mitocondrias indígenas uruguay

Areas de conocimiento:

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

Bioinformática

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 15147991

DOI: <https://doi.org/10.24215/18536387e042>

latindex  redalyc 

Notch receptor expression in Trypanosoma cruzi?infected human umbilical vein endothelial cells treated with benznidazole or simvastatin revealed by microarray analysis (Completo, 2020)

Campos, C. , González?Herrera, F. , GREIF, G. , Carillo, I. , Guzmán?Rivera, D. , Liempi, A. , ROBELLO, C. , Kemmerling, U. , Castillo, C. , Maya, J.D.

Cell Biology International, 2020

Palabras clave: trypanosoma Benznidazole Endothelial cells

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 10958355

DOI: <https://doi.org/10.1002/cbin.11308>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Species Distribution and Isolation Frequency of Nontuberculous Mycobacteria, Uruguay (Completo, 2020)

GREIF, G. , Coitinho, C. , Van Ingen, J. , ROBELLO, C.

Emerging Infectious Diseases, v.: 26 5 , 2020

Palabras clave: Mycobacteria NTM Epidemiología

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 10806059

DOI: [10.3201/eid2605.191631](https://doi.org/10.3201/eid2605.191631)

https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/5/19-1631_article

Abstract Nontuberculous mycobacteria (NTM) increasingly are recognized as opportunistic pathogens of humans. NTM species distribution is well documented in Europe and North America, but data from other regions are scarce. We assessed NTM isolation frequency and species distribution in Uruguay during 2006?2018.

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Multi-tissue Siberian sturgeon RNA sequencing data (Completo, 2020)

Klopp, C. , Cabau, c. , Lassale, A. , Di Landro, S. , GREIF, G. , VIZZIANO, D O VIZZIANO-CANTONNET, D.

Data in Brief, 2020

Palabras clave: RNA sturgeon

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 23523409

DOI: [10.1016/j.dib.2020.105820](https://doi.org/10.1016/j.dib.2020.105820)

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2352340920307149>

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Transfection of exogenous DNA complexed to cationic dendrimer induces alterations of bovine sperm microRNAome (Completo, 2020)

Domingues W. B. , Blodorn, E.B. , Weege, A.S. , Dellagostin, E.N. , Kominou, E.R. , Hurtado, J. , Corcine, C.D. , Antonio Junior, S.V. , Pintos, L.S. , Kremer, F.S. , Collares, T. , Pinhal, D. , GREIF, G. , ROBELLO, C. , Schneider, A. , Guo, S. , Farías Campos, V.

Theriogenology, 2020

Palabras clave: miRNA vesicles

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 0093691X

E-ISSN: 18793231

DOI: [10.1016/j.theriogenology.2020.06.025](https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2020.06.025)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Leishmania infantum isolates exhibit high infectivity and reduced susceptibility to amphotericin B (Completo, 2020)

FARAL-TELLO, P , GREIF, G. , Satragno, D. , BASMADJIAN YESTER , ROBELLO, C.

RSC Medicinal Chemistry, 2020

Palabras clave: Leishmania resistencia

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 26328682

DOI: [10.1039/D0MD00073F](https://doi.org/10.1039/D0MD00073F)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Siberian sturgeon multi-tissue reference transcriptome database (Completo, 2020)

Klopp, C. , Cabau, c. , GREIF, G. , Lassale, A. , Di Landro, S. , VIZZIANO, D O VIZZIANO-CANTONNET, D.

Database (Estados Unidos), 2020

Palabras clave: esturión rnaseq database transcriptoma

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 01624105

DOI: [10.1093/database/baaa082](https://doi.org/10.1093/database/baaa082)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Deep sequencing discovery of causal mtDNA mutations in a patient with unspecific neurological disease (Completo, 2019)

Spangenberg, L. , GRAÑA, M. , Mansilla, S. , JENNYFER MARTÍNEZ , Tapié, A. , GREIF, G. , Montano, N. , VAGLIO A , Guecaimburu, R. , ROBELLO, C. , CASTRO, L. ; Castro, L.A. , Quijano, C. , Raggio, V. , Naya, Hugo

Mitochondrion, 2019

Palabras clave: Mitocondrias Enfermedad mitocondrial ngs

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Ciencias de la Salud / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15677249

DOI: [10.1016/j.mito.2018.09.004](https://doi.org/10.1016/j.mito.2018.09.004)

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1567724918300084>

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Transcriptome Studies in Trypanosoma cruzi Using RNA-seq. (Completo, 2019)

GREIF, G. , BERNA, L. , Díaz-Viraqué F , ROBELLO, C.

Methods in molecular biology, v.: 1955 p.:35 - 45, 2019

Palabras clave: Trypanosoma cruzi transcriptomics RNASeq kinetoplastid

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

Escrito por invitación

ISSN: 10643745

E-ISSN: 19406029

DOI: [10.1007/978-1-4939-9148-8_3](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9148-8_3)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Early differential gene expression in beef Longissimus thoracis muscles from carcasses with normal (<5.8) and high (>5.9) ultimate pH (Completo, 2019)

Jerez-Timaure, N , Gallo, C. , Ramírez-Reveco, A. , GREIF, G. , Strobel, P , Pedro, A. , Morera, F.J. Meat Science, 2019

Palabras clave: Microarray Glycolytic potential Beef
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 03091740
E-ISSN: 18734138
DOI: [10.1016/j.meatsci.2019.03.013](https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2019.03.013)
WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Nanopore sequencing significantly improves genome assembly of the protozoan parasite *Trypanosoma cruzi* (Completo, 2019)

Díaz-Viraqué F., PITA, S., GREIF, G., Moreira de Souza, R. C., IRAOLA G., ROBELLO, C.
Genome Biology and Evolution, 2019
Palabras clave: *Trypanosoma cruzi* Whole Genome Sequence Nanopore
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Bioinformática
Medio de divulgación: Papel
E-ISSN: 17596653
DOI: [10.1093/gbe/evz129](https://doi.org/10.1093/gbe/evz129)
<https://academic.oup.com/gbe/advance-article/doi/10.1093/gbe/evz129/5520949>
WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Stable tRNA halves can be sorted into extracellular vesicles and delivered to recipient cells in a concentration-dependent manner (Completo, 2019)

Gámbaro, F., Li Calzi, M., Fagúndez, P., Costa, B., GREIF, G., Mallick, E., Lyons, S., Ivanov, P.,
Witwer, K., CAYOTA, A., TOSAR, J.P.
RNA Biology, 2019
Palabras clave: tRNA RNA vesicles
Medio de divulgación: Internet
ISSN: 15476286
E-ISSN: 15558584
DOI: [10.1080/15476286.2019.1708548](https://doi.org/10.1080/15476286.2019.1708548)
WEB OF SCIENCE™ Scopus®

The first case report of trypanosomiasis caused by *Trypanosoma evansi* in Uruguay (Completo, 2018)

GREIF, G., FARAL-TELLO, P., SCARDOELLI VIANNA, C., HERNANDEZ, A., BASMADJIÁN, Y.,
ROBELLO, C.
Veterinary Parasitology. Regional Studies and Reports, v.: 11 p.:19 - 21, 2018
Palabras clave: Trypanosomas Surra Animal trypanosomiasis
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
E-ISSN: 24059390
DOI: [10.1016/j.vprsr.2017.11.002](https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2017.11.002)
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2405939017301302>
Disponible online 2017. Publicada Jan 2018
WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Whole genome sequencing of the monomorphic pathogen *Mycobacterium bovis* reveals local differentiation of cattle clinical isolates. (Completo, 2018)

LASERRE, M., FRESIA, P., GREIF, G., IRAOLA, G., CASTRO-RAMOS, M., JUAMBELTZ, A., NUÑEZ,
A., NAYA, H., ROBELLO, C., BERNÁ, L.
BMC Genomics, v.: 19 1 2, 2018
Palabras clave: Tuberculosis bovina Epidemiología Genómica
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Epidemiología Molecular
E-ISSN: 14712164
DOI: [10.1186/s12864-017-4249-6](https://doi.org/10.1186/s12864-017-4249-6)
<https://bmcgenomics.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/s12864-017-4249-6?site=bmcgenomics.biomedcen>
Disponible online: <https://bmcgenomics.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/s12864-017-4249-6?site=bmcgenomics.biomedcentral.com>

Asthma diagnosis using integrated analysis of eosinophil microRNAs (Completo, 2018)

Rodrigo-Muñoz JM , Cañas JA , Sastre B , REGO N. , GREIF, G. , Rial M. , Mahíllo-Fernández I , Fernández-Nieto M , Mora I , Barranco P , Quirce S , Sastre J , Del Pozo V
Allergy, 2018

Palabras clave: asthma; biomarker; diagnosis; eosinophil; microRNA

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Ciencias de la Salud / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 01054538

E-ISSN: 13989995

DOI: [10.1111/all.13570](https://doi.org/10.1111/all.13570)

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30040124>

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Transcriptomic analysis reveals metabolic switches and surface remodeling as key processes for stage transition in Trypanosoma cruzi (Completo, 2017)

BERNÁ, L. , CHIRIBAO, ML. , GREIF, G. , RODRIGUEZ, M. , ALVAREZ-VALIN, F. , ROBELLO, C.
PeerJ, 2017

Palabras clave: trypanosoma transcriptomics molecular biology

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 21678359

DOI: [10.7287/peerj.preprints.2782v1](https://doi.org/10.7287/peerj.preprints.2782v1)

<https://peerj.com/preprints/2782/>

Pre-print link: <https://peerj.com/preprints/2782/> Link artículo final:

<https://peerj.com/articles/3017/>

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Autochthonous Outbreak and Expansion of Canine Visceral Leishmaniasis, Uruguay (Completo, 2017)

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

Emerging Infectious Diseases, v.: 23 3 , 2017

Palabras clave: Leishmania Epidemiology Molecular Biology

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 10806040

E-ISSN: 10806059

DOI: [10.3201/eid2303.160377](https://doi.org/10.3201/eid2303.160377)

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

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Whole-genome characterization of Uruguayan strains of avian infectious bronchitis virus reveals extensive recombination between the two major South American lineages. (Completo, 2017)

SEBASTIÁN JIMÉNEZ , TOMÁS, G. , PANZERA, Y. , GREIF, G. , PARODI-TALICE, A. , HERNÁNDEZ, M. , TECHERA, C. , HERNÁNDEZ, D. , PERÉZ, R.

Infection Genetics and Evolution, 2017

Palabras clave: Genomic evolution, Infectious bronchitis virus

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15671348

DOI: [10.1016/j.meegid.2017.07.009](https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.07.009)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Genomic and clinical evidence uncovers the enterohepatic species Helicobacter valdiviensis as a potential human intestinal pathogen (Completo, 2017)

FRESIA, P. , JARA, R. , SIERRA, R. , FERRÉS I. , GREIF, G. , IRAOLA, G. , COLLADO, L.
Helicobacter, 2017

Palabras clave: Helicobacter Genomics Human Pathogen

Areas de conocimiento:

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

ISSN: 10834389

E-ISSN: 15235378

DOI: [10.1111/hel.12425](https://doi.org/10.1111/hel.12425)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Transcriptome sequencing reveals wide expression reprogramming of basal and unknown genes in *Leptospira biflexa* biofilms (Completo, 2016)

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

mSphere, 2016

Palabras clave: Leptospira biofilms transcriptomics

Areas de conocimiento:

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

E-ISSN: 23795042

DOI: [10.1128/mSphere.00042-16](https://doi.org/10.1128/mSphere.00042-16)

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

The Anolis Lizard Genome: An Amniote Genome without Isochores? (Completo, 2016)

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

Genome Biology and Evolution, 2016

Palabras clave: Anolis, isochores, genome evolution

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 17596653

DOI: [10.1093/gbe/evw056](https://doi.org/10.1093/gbe/evw056)

<http://gbe.oxfordjournals.org/content/early/2016/03/17/gbe.evww056.long>

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

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

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

Mitochondrion, 2016

Palabras clave: Clinical genomics

Areas de conocimiento:

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

ISSN: 15677249

DOI: [10.1016/j.mito.2016.03.006](https://doi.org/10.1016/j.mito.2016.03.006)

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Translational cancer research comes of age in Latin America (Completo, 2016) Trabajo relevante

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

Science Translational Medicine, v.: 7 319, 2016

Palabras clave: cancer biología molecular latinoamerica

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 19466234


E-ISSN: 19466242

DOI: [10.1126/scitranslmed.aad5859](https://doi.org/10.1126/scitranslmed.aad5859)

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

Al tratarse de un artículo presentado en el marco de un proyecto multicéntrico la lista completa de autores puede descargarse desde aquí:

<http://stm.sciencemag.org/content/suppl/2015/12/22/7.319.319fs50.DC1> Incluí como co-
autores, los colaboradores de la red referentes de cada país.

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Analytical Validation of Quantitative Real-Time PCR Methods for Quantification of Trypanosoma cruzi DNA in Blood Samples from Chagas Disease Patients. (Completo, 2015)

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

Journal of Molecular Diagnostics, v.: 17 5, p.:605 - 615, 2015

Palabras clave: PCR tiempo real, diagnóstico, chagas

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 15251578

DOI: [10.1016/j.jmoldx.2015.04.010](https://doi.org/10.1016/j.jmoldx.2015.04.010)

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus 

Kinetoplast adaptations in American strains from Trypanosoma vivax (Completo, 2015)

Trabajo relevante

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

Mutation Research: Fundamental And Molecular Mechanisms Of Mutagenesis, v.: 773 p.:69 - 82,
2015

Palabras clave: trypanosoma kinetoplastid evolución genómica

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 13861964

E-ISSN: 1873135X

DOI: [10.1016/j.mrfmmm.2015.01.008](https://doi.org/10.1016/j.mrfmmm.2015.01.008)

http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleListURL&_method=list&_ArticleListID=729918789&_sort

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

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

A rural worker infected with a bovine-prevalent genotype of *Campylobacter fetus* subsp. *fetus* supports zoonotic transmission and inconsistency of MLST and whole-genome typing. (Completo, 2015)

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

European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases, 2015

Palabras clave: campylobacter genome

Areas de conocimiento:

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

E-ISSN: 14354373

DOI: [10.1007/s10096-015-2393-y](https://doi.org/10.1007/s10096-015-2393-y)

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

First case of *Mycobacterium heckeshornense* cavitory lung disease, in Latin America and Caribbean region (Completo, 2015)

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

New Microbes and New Infections, 2015

Palabras clave: Tuberculosis, Mycobacterium, Case Report

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 20522975

DOI: [j.nmni.2015.12.003](https://doi.org/j.nmni.2015.12.003)

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

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

October 30, 2015

Scopus®

Genome Sequence of the Native Apiculate Wine Yeast *Hanseniaspora vineae* T02/19AF. (Completo, 2014)

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

Genome Announcements, v.: 2 3, 2014

Palabras clave: Secuenciado masivo, Genoma, levadura, vino

Areas de conocimiento:

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

Biotecnología, Secuenciación masiva

Medio de divulgación: Papel

E-ISSN: 21698287

DOI: [10.1128/genomeA.00530-14](https://doi.org/10.1128/genomeA.00530-14)

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

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Whole-Genome Sequencing of an Isoniazid-Resistant Clinical Isolate of *Mycobacterium tuberculosis* Strain MtURU-002 from Uruguay (Completo, 2014)

BERNÁ, L. , IRAOLA, G. , GREIF, G. , COITINHO, C. , RIVAS, C. , NAYA, H. , ROBELLO, C.
Genome Announcements, v.: 17 4 , 2014

Palabras clave: Tuberculosis MDR

Areas de conocimiento:

Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Tuberculosis,
Secuenciación masiva

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 21698287

DOI: [10.1128/genomeA.00655-14](https://doi.org/10.1128/genomeA.00655-14).

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Transcriptome analysis of the bloodstream stage from the parasite *Trypanosoma vivax* (Completo, 2013) Trabajo relevante

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

BMC Genomics, v.: 14 p.:149 2013

Palabras clave: Trypanosoma vivax RNAseq transcriptoma

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

E-ISSN: 14712164

DOI: [10.1186/1471-2164-14-149](https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-149)

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

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Rapidly progressing tuberculosis outbreak in a very low risk group. (Completo, 2013)

COITHINO, CECILIA , GREIF, G. , ROBELLO, C. , LASERRA, PAULA , WILLERY, E. , SUPPLY, P.
European Respiratory Journal, 2013

Palabras clave: Tuberculosis outbreak

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 09031936

E-ISSN: 13993003

DOI: [10.1183/09031936.00150413](https://doi.org/10.1183/09031936.00150413)

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Molecular analysis of isoniazid-resistant *Mycobacterium tuberculosis* isolates in Uruguay (Completo, 2012) Trabajo relevante

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

The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease, v.: 16 7 , p.:947 - 949, 2012

Palabras clave: Tuberculosis, Genotipado

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

ISSN: 10273719

E-ISSN: 18157920

Trabajo aceptado para publicación, disponible online:

<http://www.ingentaconnect.com/content/iatld/ijtld/pre-prints/ijtld110559;jsessionid=a8jf2ak14basp.victoria>

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22507192>

WEB OF SCIENCE™ Scopus®

Identification of *Mycobacterium tuberculosis* complex by polymerase chain reaction of Exact Tandem Repeat-D fragment from mycobacterial cultures (Completo, 2012)

COITHINO, CECILIA , GREIF, G. , ROBELLO, C. , Van Ingen, J. , RIVAS, C

International Journal of Mycobacteriology, v.: 1 3 , p.:146 - 148, 2012

Palabras clave: tuberculosis Identification Diagnosis

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 22125531

DOI: [10.1016/j.ijmyco.2012.07.002](https://doi.org/10.1016/j.ijmyco.2012.07.002)

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

C. Coitinho, G. Greif, C. Robello, J. van Ingen, C. Rivas Identification of Mycobacterium tuberculosis complex by polymerase chain reaction of Exact Tandem Repeat-D fragment from mycobacterial cultures International Journal of Mycobacteriology, Available online 27 August 2012

<http://dx.doi.org/10.1016/j.ijmyco.2012.07.002> Article history Received 21 June 2012 Accepted

22 July 2012 Available online 27 August 2012

WEB OF SCIENCE™ 

Primeros casos de tuberculosis pulmonar por Mycobacterium bovis. Una zoonosis reemergente en Uruguay (Completo, 2012)

RIVAS, C., GREIF, G., COITHINO, CECILIA, ARAÚJO, LUIS, LASERRA, PAULA, ROBELLO, C. Revista Médica del Uruguay, v.: 28 3, p.:49 - 54, 2012

Palabras clave: tuberculosis, bovis, humano

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet

ISSN: 03033295

E-ISSN: 16880390

WEB OF SCIENCE™ 

Estrogen up-regulation of semaphorin 3F correlates with sympathetic denervation of the rat uterus (Completo, 2011) 

RICHERI, A., CHALAR, C., MARTÍNEZ, G., GREIF, G., BIANCHIMANO, P., BRAUER, M. Autonomic Neuroscience, 2011

Palabras clave: Sex hormones; Axon degeneration

Áreas de conocimiento:

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


Medio de divulgación: Internet

ISSN: 15660702

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

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

WEB OF SCIENCE™ 

Prenatal and postnatal characterization of a de novo xq22.1 terminal deletion (Completo, 2006) 

VAGLIO, A., GREIF, G., BERNAL M., SANGUINETTI, C., MECHOSO B., QUADRELLI A., TUCCI, P., MILUNSKY JM., HUANG XL., PAGANO S., QUADRELLI R.

Genetic Testing, v.: 10 4, p.:272 - 276, 2006

Palabras clave: X Deletion

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Papel

Lugar de publicación: USA

ISSN: 10906576

E-ISSN: 15577473

WEB OF SCIENCE™ 

NO ARBITRADOS

Whole-Genome Sequences of Mycobacterium bovis Strain MbURU-001, Isolated from Fresh Bovine Infected Samples. (Completo, 2015)

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

Genome Announcements, v.: 5 2015

Palabras clave: Tuberculosis bovina

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 21698287

DOI: [10.1128/genomeA.01237-15](https://doi.org/10.1128/genomeA.01237-15)

Complete Genome Sequence of Mycobacterium tuberculosis Strain MtrURU-001, Isolated from Rapidly Progressing Outbreak in Uruguay. (Completo, 2014)

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

Genome Announcements, v.: 2 1, 2014

Palabras clave: Tuberculosis Genome

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Epidemiología / Tuberculosis

Medio de divulgación: Internet

E-ISSN: 21698287

DOI: [10.1128/genomeA01220-13](https://doi.org/10.1128/genomeA01220-13)

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

Manuscripts submitted to genomeA will be editorially reviewed for appropriate content

LIBROS

Methods in Molecular Biology, Euglenozoa (Completo, 2026) Publicado

FLORENCIA DÍAZ-VIRAQUÉ, GONZALO GREIF, GARCIA-SILVA M R, ROBELLO, C., Methods in Molecular Biology

Editorial: Springer US, New York, NY

Tipo de publicación: Investigación

Referado

Escrito por invitación

Palabras clave: trypanosomes smallRNA

Medio de divulgación: Internet

ISSN/ISBN: 9781071651414

https://doi.org/10.1007/978-1-0716-5142-1_13

PUBLICACIÓN DE TRABAJOS PRESENTADOS EN EVENTOS

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

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

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: XVI International Workshop on Chronic Lymphocytic Leukemia 2015

Ciudad: Sydney, Australia

Año del evento: 2015

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

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

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

Publicado

Resumen

Evento: Internacional

Descripción: Sociedad Argentina de Protozoología XXVII Reunión Anual

Ciudad: Buenos Aires

Año del evento: 2015

Anales/Proceedings: Libro de Resúmenes

Palabras clave: trypanosoma vivax, kinetoplasto

Áreas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

Trabajo seleccionado para presentación oral. Presentación en poster.

Transcriptome sequencing reveals extensive expression reprogramming of basal metabolism and

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

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

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: Scientific Symposium of the Institut Pasteur International Network

Ciudad: París

Año del evento: 2014

Areas de conocimiento:

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

Bioinformática

Medio de divulgación: Internet

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

Genome-wide characterization of *Mycobacterium tuberculosis* outbreaks in the low-risk uruguayan population (2014)

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

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: Scientific Symposium of the Institut Pasteur International Network

Ciudad: PARIS

Año del evento: 2014

Palabras clave: tuberculosis, secuenciado masiva, epidemiología

Areas de conocimiento:

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

Bioinformática/Epidemiología

Medio de divulgación: Otros

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

First case of *Mycobacterium heckeshornense* cavitary lung disease in the Americas and Caribbean Region (2014)

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

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: 35th Annual Congress of the European Society of Mycobacteriology (ESM 2014)

Ciudad: Viena

Año del evento: 2014

Palabras clave: Mycobacterias No Tuberculosas

Areas de conocimiento:

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

Tuberculosis/Epidemiología

Medio de divulgación: Otros

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

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

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

Publicado

Completo

Evento: Nacional

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

Ciudad: Montevideo

Año del evento: 2013

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

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

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

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

Publicado

Resumen

Evento: Internacional

Descripción: 15th International Conference on Human Retroviruses: HTLV and Related Viruses 5-8 June 2011

Ciudad: Leuven and Gembloux, Belgium

Año del evento: 2011

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

Volumen:8

Fascículo: 1

Serie: A17

Publicación arbitrada

Palabras clave: BLV, Real Time, Diagnóstico

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Internet

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

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

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

Publicado

Completo

Evento: Nacional

Descripción: XIII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias

Ciudad: Piriapolis

Año del evento: 2010

Palabras clave: tuberculosis

Areas de conocimiento:

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

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

Medio de divulgación: Internet

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

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

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

Publicado

Completo

Evento: Internacional

Descripción: IV Reunion SLAMTB (Sociedad Lationamericana de Tuberculosis y otras Micobateriosis)

Ciudad: Rosario, ARgentina

Año del evento: 2009

Palabras clave: Tuberculosis, Biología Molecular

Areas de conocimiento:

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

Medio de divulgación: Papel

Estrogen regulation of semaphorin expression in the rat uterus (2008)

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

Publicado

Resumen

Evento: Internacional

Descripción: EMBO Workshop "Semaphorin Function and Mechanisms of Action"
Ciudad: París
Año del evento: 2008
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Otros

Ubiquitinación de proteínas en respuesta al estrés oxidativo en Trypanosoma cruzi (2007)

GREIF, G., PARODI, A., ROBELLO, C.
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: Workshop: Avaliação pós-genômica da expressão gênica em parasitas
Ciudad: Curitiba
Año del evento: 2007
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Otros

Estrogen regulation of semaphorin expression in the uterus (2007)

RICHERI, A., CHALAR, C., BIANCHIMANO, P., GREIF, G., BRAUER, M.
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: VII Congreso Mundial de Neurociencia, IBRO
Ciudad: Melbourne
Año del evento: 2007
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Papel
www.ibro2007.org

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

PARODI, A., GREIF, G., ROBELLO, C.
Publicado
Completo
Evento: Nacional
Descripción: V Jornadas de la SBBM
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2006
Áreas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Papel

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

GREIF, G., SEÑORALE, M.
Publicado
Resumen
Evento: Internacional
Descripción: X Congreso de la Panamerican Association for Biochemistry and Molecular Biology (PABMB)
Ciudad: Pinamar
Año del evento: 2005
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Otros

Desarrollo y caracterización de aptámeros con alta afinidad por ubiquitina (2005)

GREIF, G., SEÑORALE, M.
Publicado
Resumen
Evento: Nacional

Descripción: XI Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias
Ciudad: Lavalleja
Año del evento: 2005
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Otros

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

GREIF, G.
Publicado
Completo
Evento: Nacional
Descripción: INNOVA
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2005
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Otros

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

ECHARTE, L., TUCCI, P., GREIF, G., SANGUINETTI, C
Publicado
Resumen
Evento: Internacional
Descripción: 12 Edición de Farmapolis
Ciudad: Florianópolis
Año del evento: 2004
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Otros

ADN cincuenta (2003)

GREIF, G.
Publicado
Completo
Evento: Internacional
Descripción: 2das Jornadas de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular
Ciudad: Montevideo
Año del evento: 2003
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Medio de divulgación: Otros

PREPRINT

Extended tissue tropism and vertical transmission in a murine model of Mayaro virus infection (2026)

AREVALO AP., Ana Paula Arévalo, Ana P. Arévalo, AP.Arevalo, PERBOLIANACHIS, P., Pórfido JL, MARIANOEL PEREIRA-GÓMEZ, GREIF, G., J. Hurtado, FAJARDO A., Varela, B., VERDES JM, Moratorio, G., M. CRISPO

DOI: [10.64898/2026.01.04.693264](https://doi.org/10.64898/2026.01.04.693264)

Palabras clave: MAyaro virology RNAseq

Medio de divulgación: Internet

<https://www.biorxiv.org/content/10.64898/2026.01.04.693264v1>

Trypanosoma cruzi has 32 Chromosomes: A Telomere-to-Telomere Assembly Defines Its Karyotype (2025)

GREIF, G., CHIRIBAO, M.L., Díaz-Viraqué F, Sanz-Rodríguez C.E., ROBELLO, C.

DOI: [10.1101/2025.03.27.645724](https://doi.org/10.1101/2025.03.27.645724)

Palabras clave: genoma t2t trypanosoma

Producción técnica

PRODUCTOS

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

Prototipo, Otra

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

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

País: Uruguay

Disponibilidad: Restringida

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

Palabras clave: PCR Real Time

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet

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

Toxo (2004)

, Otra

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

Kit para determinación de presencia de Toxoplasma Gondii en muestras biológicas

País: Uruguay

Disponibilidad: Irrestringida

Producto con aplicación productiva o social: Aplicación Médica: Determinación de presencia de T. gondii en muestras biológicas

Institución financiadora: ATGen Sistemas Moleculares

Palabras clave: Toxoplasma

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet

www.atgen.com.uy

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

PreFRAXA (2002) Trabajo relevante

, Otra

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

Desarrollo de kit PreFRAXA

País: Uruguay

Disponibilidad: Irrestringida

Producto con aplicación productiva o social: Identificación de individuos que NO presentan la mutación asociada al síndrome de X Frágil

Institución financiadora: ATGen Sistemas Moleculares

Palabras clave: X frágil

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet

www.atgen.com.uy

www.atgen.com.uy

Kits para Identificación de polimorfismos puntuales asociados a riesgos de desarrollo de patologías en humanos. (2001)

, Otra

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

Kits de diagnóstico molecular basados en PCR

País: Uruguay

Disponibilidad: Irrestringida

Producto con aplicación productiva o social: Identificación de polimorfismos genéticos asociados

con patologías en humanos

Institución financiadora: ATGen Sistemas Moleculares

Palabras clave: Kits diagnóstico molecular

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Medicina Básica / Genética Humana / Biología Molecular

Medio de divulgación: Internet

www.atgen.com.uy

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

OTRAS PRODUCCIONES

CURSOS DE CORTA DURACIÓN DICTADOS

Fundamentos de Genómica Funcional en Medicina (2021)

GREIF, G.

Otro

País: Uruguay

Idioma: Español

Tipo de participación: Docente

Lugar: virtual

Ciudad: Montevideo

Fundamentos de Genómica Funcional en Medicina (2020)

GREIF, G.

Otro

País: Uruguay

Idioma: Español

Tipo de participación: Docente

Lugar: virtual

Ciudad: Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Facultad de Medicina

Integrando las tecnologías del IP Montevideo (2017)

GREIF, G.

Extensión extracurricular

País: Uruguay

Idioma: Español

Tipo de participación: Organizador

Duración: 12 semanas

Lugar: Institut Pasteur Montevideo

Ciudad: Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo

DECIPHERING REGULATOR RNA FUNCTIONS BY HIGH-THROUGHPUT SEQUENCING (2017)

GREIF, G.

Especialización

País: Uruguay

Idioma: Inglés

Tipo de participación: Organizador

Ciudad: Montevideo

Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo

Curso de Introducción a la genómica funcional (2015)

GREIF, G.
Especialización
País: Chile
Idioma: Español
Tipo de participación: Docente
Duración: 1 semanas
Ciudad: Santiago de Chile

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

GREIF, G.
Especialización
País: Uruguay
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Docente
Unidad: Unidad de Biología Molecular
Duración: 1 semanas
Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Generation of Libraries for Next Generation Sequencing (2012)

GREIF, G.
Otro
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Internet
Web: http://www.pasteur.edu.uy/news/generation_libraries_next_generation_sequencing
Tipo de participación: Docente
Unidad: Unidad de Biología Molecular
Duración: 2 semanas
Lugar: Institut Pasteur Montevideo
Ciudad: Montevideo, Uruguay
Institución Promotora/Financiadora: nstitut Pasteur de Montevideo and the Masters in Bioinformatics Program of PEDECIBA, Montevideo (Uruguay), UNU BIOLAC and ANII.
Palabras clave: Secuenciación masiva
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Secuenciación masiva
Información adicional: Course Description The general idea of the course is to start developing a trained regional community capable of applying next generation sequencing technologies to solve diverse problems in the rapidly evolving area of biomedicine and biotechnology. Consequently the target audience is primarily postgraduate students and postdocs working in research labs interested in applying next generation sequencing approaches to their subjects of study, or already working on them. The course will be focused on practical issues, learning "hands on" the basic procedures for the generation of different sequencing libraries with a special emphasis on Illumina technology. This technology has been recently made available at the Institut Pasteur Montevideo, generating the need to train young researchers from the region in the expanding possibilities offered by this system. In collaboration with the Masters of Bioinformatics Program of Pedeciba, this course will deliver basic protocols for diverse applications in short lectures, providing opportunities for their discussion in seminars. A practical hands on sessions will guide participants through the entire process of a next generation sequencing run, generating libraries of different samples, sequencing them in the Illumina equipment, and perform a basic analysis of the results obtained. Organizers Dr. Carlos Rovira - Oncology Department - Lund University Dr. José F. Tort - School of Medicine (UdelaR) & Bioinformatics Masters PEDECIBA Teaching Team Dr. Carlos Rovira - Oncology Department - Lund University Dr. José F. Tort - School of Medicine (UdelaR) & Bioinformatics Masters PEDECIBA Dr. Carlos Robello - Molecular Biology Unit - IP Montevideo MSc. Natalia Rego - Bioinformatics Unit - IP Montevideo MSc. Pablo Smircich - Bioinformatics Masters PEDECIBA - School of Medicine (Udelar) MSc. Gonzalo Greif - Molecular Biology Unit - IP Montevideo MSc. Gabriela Libishc - Molecular Biology Unit - IP Montevideo Lic. Pilar Zorrilla - Molecular Biology Unit - IP Montevideo

Curso Biología Biología Molecular de Tripanosomátidos (2012)

GREIF, G.

Especialización
País: Uruguay
Idioma: Español
Tipo de participación: Docente
Lugar: Institut Pasteur Montevideo
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Trypanosoma cruzi

Functional genomics and its applications in Biomedicine (2011)

GREIF, G.
Extensión extracurricular
País: Uruguay
Idioma: Inglés
Medio divulgación: Internet
Web: www.pasteur.edu.uy
Tipo de participación: Docente
Unidad: Unidad de Biología Molecular
Duración: 2 semanas
Lugar: Institut Pasteur Montevideo
Ciudad: Montevideo, Uruguay
Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo
Palabras clave: Genómica Funcional
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Información adicional: Curso dictado bi-anualmente por la Unidad de Biología Molecular del Institut Pasteur Montevideo. En esta edición se focalizó en NGS. Participaron docentes de USA (J. DeGregori, M. Casas), Suecia (C. Rovira, J. Vallon, A. Kvist) y Francia (P. Glasser), además de profesores nacionales invitados (R. Agrelo, A. Cayota, H. Naya, N. Rego, R. García), e integrantes de nuestro laboratorio (G. Libisch, P. Zorrilla). El curso fue organizado por C. Robello y C. Rovira

Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs (2011)

GREIF, G.
Especialización
País: Uruguay
Idioma: Español
Tipo de participación: Docente
Duración: 2 semanas
Lugar: Institut Pasteur Montevideo
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo
Palabras clave: Secuenciado masivo, miRNA
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Secuenciación masiva

US-Latin America Cancer Research Network Microarray Training Workshop (2011)

GREIF, G.
Especialización
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Internet
Tipo de participación: Docente
Unidad: Unidad de Biología Molecular
Duración: 1 semanas
Lugar: Institut Pasteur Montevideo
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Institut Pasteur Montevideo/National Cancer Institute
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Genómica funcional en Biomedicina (2009)

GREIF, G.
Especialización
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Internet
Web: <http://www.pasteur.edu.uy/>
Tipo de participación: Docente
Duración: 2 semanas
Lugar: Institut PASTeur de Montevideo
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Institut PASTeur Montevideo
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Fundamentos y aplicaciones biológicas de la espectroscopía de fluorescencia (2008)

GREIF, G.
Especialización
País: Uruguay
Idioma: Español
Tipo de participación: Docente
Unidad: Facultad de ciencias
Duración: 1 semanas
Lugar: Facultad de Ciencias
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Facultad de Ciencias
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

PCR en tiempo real: sus aplicaciones en el diagnóstico clínico (2007)

GREIF, G.
Extensión extracurricular
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Otros
Tipo de participación: Organizador
Unidad: IPMON
Duración: 1 semanas
Lugar: IPMON
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: IPMON/Facultad de Ciencias
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Tecnologías moleculares para el diagnóstico clínico (2005)

GREIF, G.
Extensión extracurricular
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Otros
Tipo de participación: Docente
Unidad: Facultad de Química
Duración: 1 semanas
Lugar: Facultad de Química
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: UDEP Facultad de Química
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Seminario Teórico-Práctico RT PCR en tiempo real (2005)

GREIF, G.
Extensión extracurricular

País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Otros
Tipo de participación: Docente
Unidad: Facultad de ciencias
Duración: 1 semanas
Lugar: Facultad de ciencias
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Sección Bioquímica (Facultad de Ciencias) y el Departamento de Bioquímica (Facultad de Veterinaria)
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

Tecnologías moleculares para el diagnóstico clínico (2004)

GREIF, G.
Perfeccionamiento
País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: Otros
Tipo de participación: Docente
Unidad: Facultad de Química
Duración: 1 semanas
Lugar: Facultad de Química
Ciudad: Montevideo
Institución Promotora/Financiadora: Educación Permanente, Facultad de Química, Universidad de la República
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

DESARROLLO DE MATERIAL DIDÁCTICO O DE INSTRUCCIÓN

PCR en tiempo real: sus aplicaciones en el diagnóstico clínico (2007)

GREIF, G.

País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: CD-Rom
CD interactivo para curso de mismo nombre
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Tecnologías moleculares para el diagnóstico clínico (2005)

GREIF, G.

País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: CD-Rom
CD interactivo para curso del mismo nombre
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Microarrays, Secuenciación, PCR RT

Biología Molecular y Diagnóstico en Salud Humana (2004)

GREIF, G.

País: Uruguay
Idioma: Español
Medio divulgación: CD-Rom
Cd interactivo para curso del mismo nombre
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /

PCR: una nueva herramienta en el diagnostico (2003)

GREIF, G.

País: Uruguay

Idioma: Español

Medio divulgación: CD-Rom

CD interactivo para curso del mismo nombre

Áreas de conocimiento:

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

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

PROGRAMAS EN RADIO O TV

Parento: "Tuberculosis en Uruguay: sus riesgos y el trabajo científico sobre la enfermedad " (2022)

GREIF, G.

Entrevista

País: Uruguay

Idioma: Español

Web: <https://espectador.com/parento/laentrevista/tuberculosis-en-uruguay-sus-riesgos-y-el-trabajo-cient>

Emisora: 810

Fecha de la presentación: 03/08/2022

Tema: Mycobacterium tuberculosis

Ciudad: Montevideo

Palabras clave: Tuberculosis

Áreas de conocimiento:

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

VTV Noticias: Ciencias (2022)

GREIF, G.

Entrevista

País: Uruguay

Idioma: Español

Web: <https://noticias.vtv.com.uy/investigacion-mejoras-en-tratamiento-de-tuberculosis-enfermedad-que-causo-1>

Emisora: VTV

Fecha de la presentación: 15/06/2022

Tema: Tuberculosis

Ciudad: Montevideo

Palabras clave: tuberculosis

Evaluaciones

EVALUACIÓN DE PROYECTOS

COMITÉ EVALUACIÓN DE PROYECTOS

Comité Técnico Asesor Fondo María Viñas (2024 / 2024)

Sector Gobierno/Público / Agencia Nacional de Investigación e Innovación / Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Uruguay

Cantidad: De 5 a 20

EVALUACIÓN INDEPENDIENTE DE PROYECTOS

5th EU-LAC Joint Call in Science, Technology and Innovation (STI) (2025 / 2025)

Alemania

Cantidad: Menos de 5

Sistema Nacional de Becas. ANII (2024 / 2024)

Uruguay
Cantidad: Menos de 5

Fondo Vaz Ferreria (2023 / 2023)

Uruguay
Cantidad: Menos de 5

PAIE (2022 / 2022)

Uruguay
Cantidad: Menos de 5

Comisión de Ciencias Biológicas de Células y Moléculas - Tipo Equipo de trabajo (2021 / 2021)

Argentina
Cantidad: Menos de 5

Programa de Iniciación a la Investigación 2021. Comisión Sectorialde Investigación Científica (CSIC) de la Universidad de la República. (2021 / 2021)

Uruguay
Cantidad: Menos de 5
Comisión Sectorialde Investigación Científica (CSIC) de la Universidad de la República.

Evaluación Proyecto ANII (2017 / 2021)

Uruguay
Cantidad: Menos de 5



EVALUACIÓN DE PUBLICACIONES

REVISIONES

Archives of Microbiology (2024 / 2024)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Scientific report (2023 / 2023)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Journal of Proteomics (2022 / 2024)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Frontiers Cellular and Infection Microbiology (2021)

Tipo de publicación: Anales
Cantidad: Menos de 5
Evaluación Artículo

Parasitology (2021)

Tipo de publicación: Anales
Cantidad: Menos de 5
Evaluación Artículo

Microorganisms (2021 / 2021)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Frontiers in Microbiology (2020)

Tipo de publicación: Revista
Cantidad: Menos de 5

Journal of Parasitology and Vector Biology (2019)

Tipo de publicación: Revista

Cantidad: Menos de 5

EVALUACIÓN DE EVENTOS Y CONGRESOS

FLAP 2024 (2024 / 2024)

Revisiones

Argentina

Evaluación de posters.

EVALUACIÓN DE CONVOCATORIAS CONCURSABLES

MOVILIDAD PARA CAPACITACION/Subtipo de Beca: CAMPOS PRIORITARIOS Campo Prioritario: Genómica integrativa (2009 / 2009)

Uruguay

Cantidad: Menos de 5

ANII

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

JURADO DE TESIS

Maestría en Biotecnología (2019)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

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

Nivel de formación: Maestría

Evaluación defensa de maestría en Biotecnología de la estudiante Valetina Russo.

Maestría Pedeciba (2016)

Jurado de mesa de evaluación de tesis

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

Defensa de tesis de Maestría - Lorena Becco Título: "Señales características de transcritos de origen nuclear que codifican productos mitocondriales en Trypanosoma cruzi" Tribunal: Presidente: Dr. Fernando Álvarez Vocales: Dres. Gonzalo Greif y José Sotelo-Silveira Directora de tesis: Dra. Beatriz Garat

Formación de RRHH

TUTORÍAS CONCLUIDAS

POSGRADO

Diagnóstico de Trypanosoma vivax en bovinos de la noreste de Uruguay (2019 - 2024)

Tesis de maestría

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut

Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Programa: Unidad de Posgrado y Educación Permanente de la Facultad de Agronomía

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Fabiana Lopez

País: Uruguay

Palabras Clave: trypanosoma epidemiologia

Areas de conocimiento:

Ciencias Agrícolas / Ciencias Veterinarias / NO CORRESPONDE

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

Tuberculosis severa: un abordaje global hacia la caracterización de aislados y la respuesta del hospedero (2020 - 2022)

Tesis de maestría

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Programa: Maestría en Biología Celular y Molecular (PEDECIBA)

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Joaquin Hurtado

País: Uruguay

GRADO

Búsqueda de marcadores moleculares de valor pronóstico en patogenicidad y virulencia en pacientes con Tuberculosis pulmonar (2018 - 2019)

Tesis/Monografía de grado

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

Programa: Licenciatura en Cs Biológicas y Bioquímica

Tipo de orientación: Tutor único o principal

Nombre del orientado: Joaquin Hurtado

País: Uruguay

Palabras Clave: tuberculosis

Areas de conocimiento:

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

Respuesta celular humana frente a la infección por Trypanosoma cruzi

Tesis/Monografía de grado

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

Programa: Licenciatura en Bioquímica

Nombre del orientado: Alejandra García

País: Uruguay

Areas de conocimiento:

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

Sistemas Inteligentes para aplicaciones médicas

Tesis/Monografía de grado

Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay / Facultad de Ingeniería y Tecnologías , Uruguay

Programa: Ingeniería en Informática

Nombre del orientado: Alfonso María Inthamoussu Pereyra

País: Uruguay

Areas de conocimiento:

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

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

Tesis/Monografía de grado

Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay / Facultad de Ingeniería y Tecnologías , Uruguay

Programa: Ingeniería en Informática

Nombre del orientado: Rafael Hermida

País: Uruguay

Areas de conocimiento:

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

OTRAS

Pasantía Pedeciba

Otras tutorías/orientaciones

Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay

Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad

Nombre del orientado: Natalia Manisse

País: Uruguay

Palabras Clave: NGS, secuenciación, metagenómica

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

TUTORÍAS EN MARCHA

POSGRADO

Desarrollo y validación de un protocolo de PCR en tiempo real como prueba diagnóstica post-mortem para Mycobacterium Bovis. (2017)

Tesis de maestría
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Veterinaria , Uruguay
Programa: Maestría en Salud Animal
Tipo de orientación: Cotutor en pie de igualdad
Nombre del orientado: Arturo Juambeltz
Medio de divulgación: Otros
País/Idioma: Uruguay, Español
Palabras Clave: tuberculosis
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Salud Animal

OTRAS

Desarrollo de método diagnóstico, estudio de la prevalencia, distribución y variantes regionales de Trypanosoma evansi (2024)

Orientación de posdoctorado
Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias / Posgrado de Biotecnología , Uruguay
Programa: Biotecnología
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Ximena Simón
País/Idioma: Uruguay,
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Mecanismos moleculares implicados en la resistencia a insecticidas en poblaciones naturales de Anopheles albimanus, el principal vector de malaria en Panamá (2023)

Orientación de posdoctorado
Sector Organizaciones Privadas sin Fines de Lucro/Sociedades Científico-Tecnológicas / Institut Pasteur de Montevideo / Institut Pasteur de Montevideo , Uruguay
Programa: Doctorado en Ciencias Básicas (UDELAR-PEDECIBA)
Tipo de orientación: Tutor único o principal
Nombre del orientado: Chystrie Riggs
País/Idioma: Uruguay,

Otros datos relevantes

PREMIOS, HONORES Y TÍTULOS

Reconocimiento a la Ciencia y la Salud del Uruguay (2023)

(Nacional)
Juan Herrera Producciones

PRIMER PREMIO: GRAN PREMIO NACIONAL DE MEDICINA 2022 (2022)

(Nacional)
Academia Nacional de Medicina
Tuberculosis: de la clínica al laboratorio, y del laboratorio al paciente y al sistema de salud. Un ejemplo de Medicina traslacional. Autor principal: Dr. Gonzalo Greif Co-autores: Dr. Carlos Robello, Mag. Joaquín Hurtado, Dr. Nicolás Nin, Dra. María Buroni, Dr. Alvaro Giordano, Dra. Cecilia Coithiño, Dr. Fernando Rodríguez

Segundo Premio: GRAN PREMIO NACIONAL DE MEDICINA 2022 (2022)

(Nacional)

Academia Nacional de Medicina

Participante: Investigación clínica y traslacional en paciente con Covid-19 en estado crítico Autor principal: Dr. Nicolás Nin.

PREMIO INTERNACIONAL LATINOAMERICANO EN NEUMOLOGIA FERNANDO D. GOMEZ - MIGUEL MELLO AGUERRE (2018)

(Internacional)

Academia Nacional de Medicina

El tribunal se aboca al estudio pormenorizado de los trabajos presentados y resuelve por UNANIMIDAD: Otorgar un primer premio (70%) al trabajo: Papel de los β glucanos de la cápsula del Mycobacterium tuberculosis en la inducción del estallido respiratorio en células del sistema inmune cuyos autores son María Mercedes Romero, Viviana Ritacco, Beatriz Lopez y Mercedes Alemán Otorgar un segundo premio (30%) al trabajo: Factores pronósticos y genotípicos de pacientes con tuberculosis graves en cuidados intensivos cuyos autores son Nicolás Nin, Javier Hurtado, María Buroni, Alvaro Giordano, Gonzalo Greif, Carlos Robello, Cecilia Coitinho, Fernando Rodriguez, Ana Maria Vilas y Joaquin Hurtado

Iniciativas Biotecnológicas en Uruguay (2004)

Comité Uruguayo del Programa AMSUD Pasteur

categoría A Pyme Innovadora 2004 (2004)

Red ProPymes

Premio Arroba empresa Biotecnológica (2003)

Milenium 21

PRESENTACIONES EN EVENTOS

Jornada de formación y actualización en el manejo de datos genómicos del agente etiológico del Chagas, Trypanosoma cruzi (2025)

Seminario

Conferencia en la Jornada y Organización de taller de Análisis de Datos Genómicos

Argentina

Tipo de participación: Conferencista invitado

Carga horaria: 40

Nombre de la institución promotora: UNNOBA

Alcance geográfico: Internacional Palabras Clave: genómica trypanosoma cruzi enfermedad de chagas bioinformática

XII International Course on the Molecular Biology of Trypanosomatids/XII International Symposium on Molecular and Cellular Biology of Chagas Disease (2025)

Simposio

Participación en curso y simposio como conferencista invitado.

Chile

Tipo de participación: Conferencista invitado

Carga horaria: 40

Nombre de la institución promotora: Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Faculty of Medicine, Universidad de Chile

Alcance geográfico: Internacional Palabras Clave: trypanosomatids biology chagas disease

XI Curso Internacional de Biología Molecular de Tripanosomatídeos: do genoma a busca dr novas drogas (2024)

Otra

Docente del curso y participación como orador en Simposio al final del curso

Brasil

Tipo de participación: Conferencista invitado

Carga horaria: 40

Nombre de la institución promotora: CABBIO
Alcance geográfico: Regional

XXVII Congreso de la Federación Latinoamericana de Parasitología/XII Congreso de la Sociedad Argentina de Protozoología (2024)

Congreso
Participación como autor de correspondencia 1 poster. Participación en 4 posters como autor.
Argentina
Tipo de participación: Poster
Alcance geográfico: Internacional

XXVII Congreso de la Federación Latinoamericana de Parasitología/XII Congreso de la Sociedad Argentina de Protozoología (2024)

Congreso
Asistente
Argentina
Tipo de participación: Otros
Nombre de la institución promotora: FLAP/SAP

V GB Meeting (2023)

Congreso
Poster: "Molecular Mechanisms involved in Paromomycin resistance in Leishmania amazonensis" y
Poste: "Functional characterization of miltefosine transporter gene of leishmania braziliensis"
Brasil
Tipo de participación: Otros
Alcance geográfico: Regional

XV Jornadas Anuales de la AAIV y III Reunión de la RedLatInVet. "Una Salud, mirada desde la inmunología veterinaria" (2023)

Congreso
Presentación Poster: "Evidencia Serológica de Trypanosoma Vivax en Establecimientos Lecheros en Argentina"
Argentina
Tipo de participación: Otros
Alcance geográfico: Regional

European Society of Mycobacteriology (2021)

Seminario
Educational Webinar
Tipo de participación: Otros
Carga horaria: 4
Nombre de la institución promotora: ESM Palabras Clave: tuberculosis
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

Molecular Parasitology Meeting (2021)

Congreso
Congreso: Molecular Parasitology Meeting. Modalidad Virtual
Estados Unidos
Tipo de participación: Otros
Carga horaria: 20
Nombre de la institución promotora: Genetics Society of America Palabras Clave: parasitología trypanosoma genomics
Áreas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / bioinformática

Nanopore London Calling (2020)

Simposio
London Calling 2020 online conference hosted by Oxford Nanopore on the 17 th , 18 th and 19 th June 2020
Inglaterra
Tipo de participación: Otros

Carga horaria: 24

Nombre de la institución promotora: Nanopore Palabras Clave: genomics sequencing

Infectología al día (2019)

Seminario

18a Jornada Científico Académica.

Uruguay

Tipo de participación: Otros

Nombre de la institución promotora: Facultad de Medicina

European Society of Mycobacteriology (2019)

Congreso

Presentación de poster: Critical pulmonary Tuberculosis: Identifying candidate molecular markers for diagnostic, prognostic and virulence

España

Tipo de participación: Otros

Carga horaria: 24

Nombre de la institución promotora: ESM Palabras Clave: Tuberculosis epidemiología genómica NGS

Áreas de conocimiento:

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

VII Simposio de Biotecnología: Integración entre Graduación y Post-Graduación (2019)

Congreso

Trypanosoma vivax al continente americano: Un estudio de genómica comparativa

Brasil

Tipo de participación: Conferencista invitado

Carga horaria: 2 Áreas de conocimiento:

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

Ciudad de Pelotas, 28 de junio de 2019.

SLAM TB (2018)

Congreso

Congreso SLAMTB, 2018.

Chile

Tipo de participación: Otros

Carga horaria: 40

Nombre de la institución promotora: Sociedad Latinoamericana de Tuberculosis y otras mycobacterias Palabras Clave: Tuberculosis epidemiología

Áreas de conocimiento:

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

Presentación de poster: Tuberculosis Pulmonar Grave: Búsqueda de marcadores de valor pronóstico en patogenidad y virulencia. Greif, Gonzalo1., Hurtado, Joaquin1., Coitinho, Cecilia2., Nin, Nicolas3., Buroni, Maria4., Giordano, Alvaro4., Hurtado, Javier4., Robello, Carlos5,1.,

Taller de estudio del Complejo Mycobacterium Tuberculosis (2018)

Encuentro

Exposición en seminario científico

Uruguay

Tipo de participación: Expositor oral

Carga horaria: 16

Nombre de la institución promotora: Institut Pasteur Montevideo/Facultad de Ciencias Palabras Clave: Tuberculosis

Áreas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Ciencias de la Salud / Biología Molecular

Segundas Jornadas de Actualización en Parasitología y Micología. (2018)

Seminario

Tripanosomatídeos de importancia en salud pública en Uruguay.

Uruguay

Tipo de participación: Expositor oral

Carga horaria: 5

Nombre de la institución promotora: Departamento de Parasitología y Micología. Facultad de

Medicina. UDELAR Palabras Clave: Parasitología tripanosomas salud
Areas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Ciencias de la Salud / Ciencias de la Salud / Parasitología

DIES ProGRANT Proposal Writing for Research Grants (2017)

Seminario
DIES ProGRANT Proposal Writing for Research Grants
Argentina
Tipo de participación: Otros
Carga horaria: 40
Nombre de la institución promotora: Universidad de Köln, Alemania Palabras Clave: Escritura
Proyectos de investigación
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
Participación en taller organizado por la Universidad de Köln (Alemania) para la escritura de proyectos de investigación. El taller se desarrollo en 3 fases: - 1 semana presencial (40 hs) 3 al 7 de abril (Buenos Aires) - E-learning: Abril-Junio de 2017 - 1 semana presencial (40 hs) 30 de octubre al 4 de noviembre (Buenos Aires). Topics cubiertos: - estructura de proyectos - analisis FODA de proyectos de investigación - Diseño de propuestas de acuerdo a estandares internacionales - Identificación de oportunidad de fondos - habilidades en evaluación de proyectos

Reunion Conjunta de Sociedades de Biociencias (2017)

Congreso
Reunion Conjunta de Sociedades de Biociencias
Argentina
Tipo de participación: Otros
Carga horaria: 40
Nombre de la institución promotora: XXIX Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología (SAP) Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
Congreso Argentino de Biociencias, organizado por: LXII Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Investigación CLinica (SAIC) LIII REunión Anual de la Sociedad Argentina de Investigación Bioquímica y Biología Molecular (SAIB) Reunión de la Sociedad ARgentina de Andrología (SAA) XLVI Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Biofísica (SAB) XIX Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Biología (SAB) XLIX Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Farmacología Experimentail (SAFE) Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Fisiología (SAFIS) Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Hematología (SAH) XXIX Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología (SAP)

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

Simposio
Simposio Internacional sobre temas de actualidad en la interacción huesped-patogeno
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 24
Nombre de la institución promotora: FOCEM Palabras Clave: Trypanosoma vivax, micobacterias
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
Presentación oral: Micobacterias y Tripanosomas: dos ejemplos de estudio de interacción hospedero-patógeno En el marco del simposio "Simposio Internacional sobre temas de actualidad en la interacción huesped-patogeno" organizado por FOCEM entre el 10 y 12 de Agosto de 2016 en Asunción, Paraguay.

Lesihmaniasis: Nueva zoonosis para Uruguay (2015)

Encuentro
Lesihmaniasis: Nueva zoonosis para Uruguay
Uruguay
Tipo de participación: Otros
Carga horaria: 4 Palabras Clave: lesihmania, epidemiología

XXVII Reunion Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología (2015)

Congreso
Adaptación de Trypanosoma vivax americano a la transmisión mecánica: remodelación del

kinetoplasto
Argentina
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 24 Palabras Clave: trypanosoma vivax, kinetoplasto

VII Meeting of the SLAM-TB (2014)

Congreso
Whole genome sequencing of Mycobacterium tuberculosis clinical cases: perspectives in molecular epidemiology
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 30
Nombre de la institución promotora: Sociedad Latinoamericana de tuberculosis y otras micobacterias Palabras Clave: tuberculosis, secuenciado masiva, epidemiologia
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Tuberculosis, Secuenciación masiva

Terceras Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Genética del Uruguay (2014)

Congreso
Experiencias de la Plataforma Illumina de Secuenciado Masivo del Instituto Pasteur Montevideo
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 2
Nombre de la institución promotora: Sociedad Uruguaya de Genética

Red de Institutos Pasteur de las Americas (2012)

Congreso
Transcriptome analysis of the bloodstream stage from the parasite Trypanosoma vivax.
Uruguay
Tipo de participación: Poster Palabras Clave: Trypanosoma vivax, RNAseq, transcriptoma
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular / Biología Molecular
2012. RIIP. Transcriptome analysis of the bloodstream stage from the parasite Trypanosoma vivax. Gonzalo Greif, Miguel Ponce de Leon, Guillermo Lamolle, Matías Rodriguez, Dolores Piñeyro, Lucinda Tabares, Armando Reyna, Carlos Robello, Fernando Alvarez Valin.

XXV Reunión Científica Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología y Enfermedades Parasitarias (2012)

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

Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs (2011)

Taller
Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs
Uruguay

Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 40
Nombre de la institución promotora: Institut Pasteur Montevideo Palabras Clave: Bioinformática
Secuenciación masiva
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular /
Bioinformática
Charla en taller: Curso básico de tecnologías de secuenciado masivo y biología de pequeños ARNs

Biobanking and Molecular Profiling Training Workshop (2010)

Simposio
Biobanking and Molecular Profiling Training Workshop
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Carga horaria: 24
Nombre de la institución promotora: Programa Nacional de Control de Cancer, MSP. Areas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Tecnologías que involucran la identificación de ADN, proteínas y enzimas
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular
Exposición oral sobre las capacidades de la Unidad de Biología Molecular del IPMON, en cuánto a la plataforma de genómica integrativa.

XII Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Biociencias. (2007)

Congreso
Presentación Oral: Ubiquitinación de proteínas en respuesta al estrés oxidativo en Trypanosoma cruzi.
Uruguay
Tipo de participación: Expositor oral
Nombre de la institución promotora: SUB Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

JURADO/INTEGRANTE DE COMISIONES EVALUADORAS DE TRABAJOS ACADÉMICOS

Búsqueda de señales en transcritos de origen nuclear que codifican proteínas mitocondriales en Trypanosoma cruzi (2016)

Candidato: Lorena Becco
Tipo Jurado: Tesis de Maestría
ALVAREZ-VALIN, F , SOTELO SILVEIRA, J. , GREIF, G.
PEDECIBA Biología / Sector Educación Superior/Público / Universidad de la República / Facultad de Ciencias / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
Palabras Clave: trypanosoma bioinformática
Areas de conocimiento:
Ciencias Naturales y Exactas / Ciencias Biológicas / Bioquímica y Biología Molecular

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

Candidato: Martin Mari
Tipo Jurado: Tesis/Monografía de grado
OCAMPO, E. , GREIF, G.
Ingeniería en Informática / Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay / Facultad de Ingeniería y Tecnologías / Uruguay
País: Uruguay
Idioma: Español
Areas de conocimiento:
Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

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

Candidato: Gonzalo Lema

Tipo Jurado: Tesis/Monografía de grado

GREIF, G.

Ingeniería en Informática / Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay / Facultad de Ingeniería y Tecnologías / Uruguay

País: Uruguay

Idioma: Español

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

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

Candidato: Martín Canale

Tipo Jurado: Tesis/Monografía de grado

GREIF, G.

Ingeniería en Informática / Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay / Facultad de Ingeniería y Tecnologías / Uruguay

País: Uruguay

Idioma: Español

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

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

Candidato: Rafael Hermida

Tipo Jurado: Tesis/Monografía de grado

GREIF, G.

Ingeniería en Informática / Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay / Facultad de Ingeniería y Tecnologías / Uruguay

País: Uruguay

Idioma: Español

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

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

Candidato: Alfonso Inthamoussu

Tipo Jurado: Tesis/Monografía de grado

GREIF, G.

Ingeniería en Informática / Sector Educación Superior/Privado / Universidad Católica del Uruguay / Facultad de Ingeniería y Tecnologías / Uruguay

País: Uruguay

Idioma: Español

Areas de conocimiento:

Ciencias Médicas y de la Salud / Biotecnología de la Salud / Biotecnología relacionada con la Salud / Bioinformática

CONSTRUCCIÓN INSTITUCIONAL

Desde mi ingreso al Instituto Pasteur de Montevideo en el año 2006 he participado activamente en actividades relacionadas a la vida institucional, participando en actividades de extensión: Jornadas de puertas abiertas, Jornadas de extensión, divulgación científica en prensa, entre otras.

Asimismo participé como consejero del Instituto durante un período y trabajé en diversas comisiones.

Fuero parte de la Comisión de Etica en el Uso de Animales del Instituto y la Comisión de Equipos.

Información adicional

En 2021 participé en la etapa fundacional de InvestigaUy: asociación de investigadoras e investigadores de Uruguay.

Socio de InvestigaUy desde su fundación a la actualidad.

Socio de la Sociedad Argentina de Protozoología.

Socio de la Sociedad Uruguaya de Biociencias

Indicadores de producción

ACTIVIDADES	39
Líneas de investigación	5
Proyectos Investigación Desarrollo	11
Docencia	13
Extensión	3
Dirección Administración	1
Capacitación Entrenamiento	3
Pasantía	3
PRODUCCIÓN BIBLIOGRÁFICA	85
Artículos publicados en revistas científicas	64
Completo	64
Trabajos en eventos	18
Libros y Capítulos	1
Libro publicado	1
Preprints	2
PRODUCCIÓN TÉCNICA	27
Productos tecnológicos	4
Otros tipos	23
EVALUACIONES	20
Evaluación de proyectos	8
Evaluación de eventos	1
Evaluación de publicaciones	8
Evaluación de convocatorias concursables	1
Jurado de tesis	2
FORMACIÓN RRHH	10
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones concluidas	7
Tesis/Monografía de grado	4
Otras tutorías/orientaciones	1
Tesis de maestría	2
Tutorías/Orientaciones/Supervisiones en marcha	3
Tesis de maestría	1
Orientación de posdoctorado	2