

Resumen de las actividades del Intercambio **“Entrenamiento en técnicas de genotipificación masivas”** realizado por **Germán Burgos Figueroa**, Docente Investigador de la facultad de Medicina y la DGIV de la Universidad de Las Américas en el Centro Nacional de Genotipado de España (CEGEN), de la Universidad de Santiago de Compostela (USC), en el contexto del **“Programa de Ayudas del GHEP-ISFG para Intercambios de Formación 2024-1”**

El inmenso avance de las técnicas de obtención de datos genéticos, ha revolucionado la genética forense y de poblaciones, permitiendo obtener cientos de miles de genotipos con el uso de plataformas complejas, basadas en la nanotecnología y el procesamiento masivo de datos. De forma tal, que las técnicas clásicas difícilmente pueden generar la cantidad de datos para lograr una publicación académica en un journal de impacto, los que actualmente reciben una abundante oferta de artículos científicos con mucha afluencia, desde distintos países especialmente orientales.

El Propósito del viaje, por tanto, fue el de realizar un entrenamiento en la tipificación de SNPs mediante técnicas masivas de hibridación de microarrays utilizando el Genome-wide genotyping array/Axiom 2.0 Assay 96-array (Thermofischer) en el nodo de la Fundación Pública de Medicina Xenómica (SERGAS) (Santiago de Compostela) del Centro Nacional de Genotipado de España (CEGEN). El entrenamiento también incluyó la secuenciación Masiva de genomas de interés (NGS) mediante la plataforma Illumina con el objetivo de tipificar al menos 100 mitogenomas de la población mestiza ecuatoriana, objetivo de mi proyecto de Doctorado en “Nuevas estrategias forenses” que realizo en la Universidad de Dantiago de Compostela, bajo la tutoría del Dr. Angel Carracedo y la dirección de la Dra. Leonor Gusmao. Como resultados inmediatos, aparte de estrechar la cercana colaboración que hemos mantenido, sin duda es la experiencia en general de todo el flujo de trabajo, en especial del análisis de calidad de las muestras, su enriquecimiento y demás etapas de procesamiento experimental. El resultado esperado es la publicación de los datos en un journal de impacto que permita la descripción genética detallada de las poblaciones latinoamericanas.

Atento a sus comentarios, cordialmente,

Germán Burgos Figueroa
Docente investigador
Universidad de Las Américas
Quito-Ecuador