

➤ **Resumen.**○ **Áreas de investigación:**

Genómica comparativa: Sintenia y rearreglos cromosómicos.
Ensamblado y anotación de genomas (Sanger y NGS).
Métodos bioinformáticos aplicados al estudio de evolución molecular de genomas.
Desarrollo de software bioinformático para educación/investigación.

○ **Categoría actual:****Profesor-Investigador Titular B**

09/02/2015-a la fecha.

Unidad de biotecnología, Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. CICY

Adscripción a CICY (Investigador Asociado C) desde 1ero de abril de 2008.○ **Membresía en el Sistema Nacional de Investigadores:**

Nivel I

2017-2020; 2014-2016; 2010-2012.

➤ **Grados académicos.**○ **Investigador postdoctoral, North Carolina State University**, Plant pathology department

2005-2008

Proyectos:

"The evolution of the mating type genes in *Aspergillus spp.*",
"Recombination and evolution of the aflatoxin gene cluster in *Aspergillus spp.*"

○ **Doctorado en ciencias con especialidad en biotecnología**, CINVESTAV U. Irapuato, México

2004

Departamento de ingeniería genética

Tesis: "Análisis de los elementos que actúan en *cis* para modular la estabilidad del RNA mensajero del gen *cry1Aa* de *Bacillus thuringiensis* en *B. subtilis*"

○ **Lic. en química**, Universidad de Guanajuato, México

1998

Facultad de química, Instituto de investigaciones en biología experimental IIBE

Tesis: "Diferenciación de *Neurospora crassa*: Expresión diferencial de genes involucrados en la biosíntesis de la pared celular"

➤ **Experiencia en investigación.**○ **Profesor-Investigador, CICY**, Unidad de biotecnología

2008-a la fecha.

Laboratorio de Bioinformática (Responsable técnico).

"Saprofitos vs. Patógenos: Genómica computacional de la distribución y organización de quitina-sintetasas en hongos y su relación con patogénesis" (Proyecto financiado por fondo CB CONACYT-SEP).

"Análisis filogeográfico y filogenético de hongos fitopatógenos de importancia agronómica".

"Evolución molecular de clusters del metabolismo secundario en hongos".

○ **Estancia Sabática, University of Dundee**, School of Life Sciences

Ene-Jul 2016

Division of Computational Biology, Barton Group

"Modularity of fungal secondary metabolism gene clusters" (Proyecto financiado por fondo de estancias sabáticas CONACYT)

○ **Estancia Sabática, Universidad de Guanajuato**, División de Ciencias Naturales y Exactas

Ago-Dic 2015

Departamento de Biología, Laboratorios Ponce-Noyola y Mora-Montes

"Marcadores moleculares y anotación funcional de los genomas de los hongos *Sporothrix schenki* (patógeno de humanos) y *Sclerotium cepivorum* (patógeno de plantas del género *Allium*)"

○ **Estancia de investigación, Kyoto University**, Institute for Chemical Research

Jun-Ago 2010

Bioinformatics center, Kanehisa Laboratories

"Orthology and paralogy in biosynthetic gene clusters of pathogenic fungi" (Proyecto financiado por la Matsumae International Foundation MIF, Tokio, Japón)

○ **Estancia de investigación, North Carolina State University**

2004-2005

Biochemistry department, Hanley-Bowdoin Laboratory

Proyecto: "Geminivirus resistance mediated by peptide aptameres"

➤ **Publicaciones Arbitradas.**

§ Participación como consultor en análisis bioinformáticos, genómica comparativa y/o evolución molecular.

† Participación como director, codirector o asesor de estudiante de posgrado.

- §22. Youssef, M.; Alhammadi, A. S.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Sanchez-Teyer, L. F.; Escobedo-GraciaMedrano, R. M., Remarks on genetic diversity and relationship of *Punica protopunica* and *P.granatum* assessed by molecular analyses. *Genet Resour Crop Ev* **2018**, 65 (2), 577-590.
- §t21. Leal-Alvarado, D. A.; Estrella-Maldonado, H.; Saenz-Carbonell, L.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Zapata-Perez, O.; Santamaría, J. M., Genes coding for transporters showed a rapid and sharp increase in their expression in response to lead, in the aquatic fern (*Salvinia minima* Baker). *Ecotoxicol Environ Saf* **2018**, 147, 1056-1064.
- §20. Conde-Ferraez, L.; Pacheco-Arjona, R.; Novelo Canul, C.; Gomez-Carballo, J.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Ayora-Talavera, G.; Gonzalez-Losa, M. D. R., Genetic Variability in E6 and E7 Oncogenes from Human Papillomavirus Type 58 in Mexican Women. *Intervirology* **2018**, 60, 235-246.
- §t19. Quiroz-Ramirez, J. J.; Sanchez-Ramirez, E.; Hernandez, S.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Segovia-Hernandez, J. G., Multiobjective Stochastic Optimization Approach Applied to a Hybrid Process Production-Separation in the Production of Biobutanol. *Ind Eng Chem Res* **2017**, 56 (7), 1823-1833.
- §t18. Leal-Alvarado, D. A.; Martinez-Hernandez, A.; Calderon-Vazquez, C. L.; Uh-Ramos, D.; Fuentes, G.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Saenz-Carbonell, L.; Santamaría, J. M., Identification of up-regulated genes from the metal-hyperaccumulator aquatic fern *Salvinia minima* Baker, in response to lead exposure. *Aquat Toxicol* **2017**, 193, 86-96.
- §17. Kottom, T. J.; Hebrink, D. M.; Jenson, P. E.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Limper, A. H., Characterization of N-Acetylglucosamine Biosynthesis in *Pneumocystis* species. A New Potential Target for Therapy. *Am J Respir Cell Mol Biol* **2017**, 56 (2), 213-222.
- t16. Chan-Leon, A. C.; Estrella-Maldonado, H.; Dube, P.; Fuentes Ortiz, G.; Espadas-Gil, F.; Talavera May, C.; **Ramirez Prado, J.**; Desjardins, Y.; Santamaría, J. M., The high content of beta-carotene present in orange-pulp fruits of *Carica papaya* L. is not correlated with a high expression of the CpLCY-beta2 gene. *Food Res Int* **2017**, 100 (Pt 2), 45-56.
- §15. Canche-Pech, J. R.; Conde-Ferraez, L.; Puerto-Solis, M.; Gonzalez-Losa, R.; Granja-Perez, P.; Villanueva-Jorge, S.; Chan-Gasca, M.; Gomez-Carballo, J.; Lopez-Ochoa, L.; Jimenez-Delgadillo, B.; Rodriguez-Sanchez, I.; **Ramirez-Prado, J.**; Ayora-Talavera, G., Temporal distribution and genetic variants in influenza A(H1N1)pdm09 virus circulating in Mexico, seasons 2012 and 2013. *PLoS One* **2017**, 12 (12), e0189363.
- §t14. Marfil-Santana, M. D.; O'Connor-Sanchez, A.; **Ramirez-Prado, J. H.**; De Los Santos-Briones, C.; Lopez, A.; Lluvia, K.; Rojas-Herrera, R.; Lago-Leston, A.; Prieto-Davo, A., A computationally simplistic poly-phasic approach to explore microbial communities from the Yucatan aquifer as a potential sources of novel natural products. *J Microbiol* **2016**, 54 (11), 774-781.
- t13. Zamudio-Moreno, E.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Moreno-Valenzuela, O. A.; Lopez-Ochoa, L. A., Early diagnosis of a Mexican variant of Papaya meleira virus (PMev-Mx) by RT-PCR. *Genet Mol Res* **2015**, 14 (1), 1145-54.
- t12. Pacheco-Arjona, J. R.; **Ramirez-Prado, J. H.**, Large-scale phylogenetic classification of fungal chitin synthases and identification of a putative cell-wall metabolism gene cluster in *Aspergillus* genomes. *PLoS One* **2014**, 9 (8), e104920.
- §t11. Moreno-Enríquez, A.; Minero-García, Y.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Loeza-Kuk, E.; Uc-Varguez, A.; Moreno-Valenzuela, O. A., Comparative analysis of 16S ribosomal RNA of 'Candidatus Liberibacter asiaticus' associated with Huanglongbing disease of Persian lime and Mexican lime reveals a major haplotype with worldwide distribution. *African Journal of Microbiology Research* **2014**, 8 (30), 2861-2873.
- t10. Mahendhiran, M.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Medrano, R. M. E. G.; Canto-Canche, B.; Tzec-Sima, M.; Grijalva-Arango, R.; James-Kay, A., Single nucleotide polymorphisms in partial sequences of the gene encoding the large sub-units of ADP-glucose pyrophosphorylase within a representative collection of 10 *Musa* genotypes. *Electron J Biotechn* **2014**, 17 (3), 137-147.
- §t9. Kantun-Moreno, N.; Vazquez-Euan, R.; Tzec-Sima, M.; Peraza-Echeverria, L.; Grijalva-Arango, R.; Rodriguez-Garcia, C.; James, A. C.; **Ramirez-Prado, J.**; Islas-Flores, I.; Canto-Canche, B., Genome-wide in silico identification of GPI proteins in *Mycosphaerella fijiensis* and transcriptional analysis of two GPI-anchored beta-1,3-glucosyltransferases. *Mycologia* **2013**, 105 (2), 285-96.
- t8. Santiago-Sotelo, P.; **Ramirez-Prado, J. H.**, pfctBLAST: a platform-independent portable front end for the command terminal BLAST+ stand-alone suite. *BioTechniques* **2012**, 53 (5), 299-300.
- 7. Horn, B. W.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Carbone, I., Sexual reproduction and recombination in the aflatoxin-producing fungus *Aspergillus parasiticus*. *Fungal Genet Biol* **2009**, 46 (2), 169-75.
- 6. Horn, B. W.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Carbone, I., The sexual state of *Aspergillus parasiticus*. *Mycologia* **2009**, 101 (2), 275-80.
- 5. **Ramirez-Prado, J. H.**; Moore, G. G.; Horn, B. W.; Carbone, I., Characterization and population analysis of the mating-type genes in *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus*. *Fungal Genet Biol* **2008**, 45 (9), 1292-9.
- 4. Carbone, I.*; **Ramirez-Prado, J. H.***; Jakobek, J. L.; Horn, B. W., Gene duplication, modularity and adaptation in the evolution of the aflatoxin gene cluster. *BMC Evol Biol* **2007**, 7, 111.

*equal contributors

- 3. Carbone, I.; Jakobek, J. L.; **Ramirez-Prado, J. H.**; Horn, B. W., Recombination, balancing selection and adaptive evolution in the aflatoxin gene cluster of *Aspergillus parasiticus*. *Mol Ecol* **2007**, 16 (20), 4401-17.
- 2. **Ramirez-Prado, J. H.**; Martinez-Marquez, E. I.; Olmedo-Alvarez, G., cry1Aa lacks stability elements at its 5'-UTR but integrity of its transcription terminator is critical to prevent decay of its transcript. *Curr Microbiol* **2006**, 53 (1), 23-9.
- 1. Lopez-Ochoa, L.; **Ramirez-Prado, J.**; Hanley-Bowdoin, L., Peptide aptamers that bind to a geminivirus replication protein interfere with viral replication in plant cells. *J Virol* **2006**, 80 (12), 5841-53.

➤ **Capítulos de libros.**

- 2. Andrew C. James, Mahdi Arzanlou, Blondy Canto Canche, **Jorge Humberto Ramirez**, Laura Conde Ferraez and Santy Peraza Echeverria, 2010, "Fungal diseases", En: "Bananas: Nutrition, Diseases and Trade Issues", Editado por Frank Columnbus, Nova publishers, NY, USA.
- 1. Lopez-Ochoa, L., Nash, T.E., **Ramirez-Prado, J.** and Hanley-Bowdoin, L., 2009, "Isolation of peptide aptamers to target protein function", En: "Nucleic Acid and Peptide Aptamers", Editado por Günter Mayer, Humana Press, 415p.

➤ **Desarrollos tecnológicos, software, derechos de autor.**

- 2. **Software registrado con derecho de autor:** *prefectBLAST*, Ramírez Prado J.H., Santiago Sotelo P., Registro ante INDAUTOR 03-2012-020913201400-01, 22 de febrero de 2012.
- 1. **Software:** *Interfaz gráfica y buscador para base de datos de genes ortólogos*, Ramírez Prado J.H., Hernández Bautista C., 02 de febrero de 2010.

➤ **Docencia y formación de recursos humanos.**

- **Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.**, Unidad de biotecnología

Dirección de tesis.

- **Doctorado después de maestría.**

M.C. Pedro Javier Escobar Turriza. Agosto 2017-a la fecha
"Identificación de firmas funcionales en el metabolismo de procariotes y eucariotes"

- **Doctorado después de maestría.**

M.C. Arianna Christine Chan León. Agosto 2013-a la fecha
"Análisis de la expresión de genes y actividad enzimática de las enzimas involucradas en la biosíntesis de carotenoides durante la maduración postcosecha en frutos de papaya (*Carica papaya* L.)"

- **Doctorado después de maestría.**

M.C. José Ramón Pacheco Arjona. Grado Obtenido 17/07/2014
"Genómica computacional de la distribución y organización de las quitina-sintetasas en hongos".

- **Doctorado después de maestría.**

M.C. Muhilan Mahendhiran. Grado Obtenido 11/07/2014
"Development of a set of Conserved Orthologous Sequence (COS) markers for starch metabolic traits for *Musa* germplasm".

- **Maestría.**

I.B.Q. Lilia Pérez Oyosa. Grado Obtenido 13/05/2014
"Caracterización molecular de la expresión de los genes Quitina Sintasa en *Mycosphaerella fijiensis*".

- **Residencia profesional/Tesis de licenciatura.**

C. Candelaria Hernández Bautista. Grado Obtenido 07/07/2010
"Interfaz gráfica y buscador para base de datos de genes ortólogos y parálogos de hongos fitopatógenos".
Memorias de residencia profesional como opción de titulación.

- **Tesis de licenciatura.**

C. Perfecto Santiago Sotelo. Enero 2011-Agosto 2013
"Anotación de regiones genéticas mediante análisis automatizado de reportes BLAST".
(Servicio social: Agosto-Diciembre 2009; Residencia profesional: Febrero-Junio 2010)

➤ **Vinculación.**

- **Proyectos de investigación como responsable técnico con financiamiento externo.**
 - "Modularity of fungal secondary metabolism gene clusters" APROBADO en la convocatoria de Estancias Sabáticas (Internacional) CONACYT 2015-2. Vigencia Febrero-Agosto 2016.
 - "Clúster de cómputo de alto rendimiento bioinformático" APROBADO en la convocatoria de Apoyos Institucionales Centros CONACYT 2013. Vigencia Julio-Diciembre 2013.
Monto aprobado: MXN \$5'000,000.00
 - "Saprofitos vs. Patógenos: Genómica computacional de la distribución y organización de quitina-sintetasas en hongos y su relación con patogénesis" APROBADO en la convocatoria de investigación básica SEP-CONACYT 2008. Vigencia original 2010-2012. Cerrado oficialmente el 15 de Septiembre de 2014.
Monto aprobado: MXN \$996,000.00
 - "Orthology and paralogy in biosynthetic gene clusters of pathogenic fungi", Matsumae International Foundation Fellowship. APROBADO diciembre 2009. Vigencia Junio-Agosto 2010.
Monto aprobado: aprox. MXN \$115,800.00 (JPY ¥820,000.00)
 - "Análisis bioinformático aplicado al estudio filogenético y filogeográfico de *Mycosphaerella fijiensis*", sometido dentro de la propuesta "Repatriación del Dr. Jorge Humberto Ramírez Prado a la Unidad de Biotecnología del Centro de Investigación Científica de Yucatán A.C." en la convocatoria 2008 para "Apoyos complementarios para la consolidación institucional de grupos de investigación" del CONACYT. APROBADO. Vigencia Noviembre 2008 a Octubre 2009.
Monto aprobado: MXN \$400,000.00
- **Proyectos de investigación como colaborador con financiamiento externo.**
 - "Desarrollo de herramientas moleculares para el estudio innovador de glicoconjungados con potencial terapéutico en la esporotrichosis", financiado por "Investigación en Fronteras de la Ciencia" CONACYT. 2016. Responsable del proyecto: Dr. Hector Mora Monte, Universidad de Guanajuato.
 - "Resolviendo las relaciones basales de la tribu Ingeae (*Leguminosae, Mimosideae*) mediante genómica de nueva generación (NGS)", FORTALECIMIENTO DE LA INVESTIGACIÓN MULTIDISCIPLINARIA 2016, CICY. 2016. Responsable del proyecto: Dr. Rodrigo Duno de Stefano, URN, CICY.
 - "Enfoque agrogenómico en el estudio de la sigatoka negra", financiado por ciencia básica SEP-CONACYT 2013. Responsable del proyecto: Dra. Blondy Canto Canché, UBT, CICY.
 - "Análisis del genoma y transcriptoma de Achote (*Bixa orellana*) para su mejoramiento genético y su exploración como alimento funcional", financiado por ciencia básica SEP-CONACYT 2013. Responsable del proyecto: Dra. Renata L.B. Rivera Madrid, UBBMP, CICY.
 - "Vigilancia epidemiológica del virus de influenza H1N1 y detección de variantes genéticas con potencial epidémico en humanos", financiado por CONACYT Fondos Mixtos 2011.
Responsable del proyecto: Dra. Guadalupe Ayora Talavera, Universidad Autónoma de Yucatán.
 - "Development of a set of Conserved Orthologous Sequence (COS) markers for starch biosynthesis and drought tolerance for Musa germplasm", financiado por International Atomic Energy Agency. Responsable del proyecto: Dr. Andrew James Kay, UBT, CICY.
 - "Desarrollo de una muerte celular artificial en plátano que pueda conducir al control de la enfermedad fúngica más devastadora de este cultivo, la Sigatoka Negra", financiado por ciencia básica SEP-CONACYT 2008. Responsable del proyecto: Dr. Santy Peraza Echeverría, UBT, CICY.
 - "Estudio sobre los mecanismos de defensa de cocotero a fitoplasmas del amarillamiento letal", financiado por ciencia básica SEP-CONACYT 2009. Responsable del proyecto: Dr. Carlos M. Oropeza Salim, UBT, CICY.