

The background features a smooth color gradient transitioning from a light purple at the top to a deep blue at the bottom. Overlaid on this are several large, semi-transparent circles. A large circle in the center has a red-to-blue gradient. To its left and right are smaller circles with similar gradients. In the top-left and bottom-left corners, there are more circles with a red-to-blue gradient. A partial circle is visible in the top-right corner. The text 'CHRISTIAN ROMERO GARCIA' is centered horizontally across the middle of the image, overlaid on the central circle.

CHRISTIAN ROMERO GARCIA

CHRISTIAN ROMERO GARCIA

ABOUT ME

PROJECTS

Técnico de Laboratorio (2021 - 2023)

Empresa: LABOKLIN | Laboratorio Dr. Barba - Madrid

Brindé asistencia en procedimientos de laboratorio diagnóstico para muestras de animales y humanas.

- **Análisis clínicos** en los diferentes campos de trabajo: Microbiología (detección de cepas patógenas y pruebas de sensibilidad antimicrobiana y antifúngica), serológicos (ELISA e IFI), bioquímica, hematología, hormonas.
- Limpieza, esterilización y gestión de equipos e instrumentos de laboratorio.

Empresa: HEALTH IN CODE - Madrid

Especializado en el análisis y diagnóstico de **COVID-19** .

- Extracción automatizada de ARN viral y amplificación de cDNA.
- Ensayos de **RT-PCR en tiempo real** de una sola etapa para la detección de genes específicos de SARS-CoV-2.
- Interpretación, clasificación y validación datos basados en Ct.
- Generación de informes detallados.

Asistente de investigación- genética forense - (2019)

Empresa: GENFOREN - Madrid

- Desarrollo de un protocolo para la **detección de ADN secundario en perfiles mixtos** utilizados como evidencia forense en diversas fuentes de muestras.
- Identificación de variantes genéticas a nivel de **SNP** mediante el método Sanger.
- Habilidades técnicas especializadas en extracción manual, amplificación y purificación del ADN, garantizando resultados confiables y de alta calidad.
- Separar y analizar fragmentos de ADN via electrophoresis en gel de agarosa.
- **Análisis de ADN mitocondrial , STR y perfiles de parentesco**

Asistente de investigación - farmacia - (2018)

- Colaboración en la **optimización y caracterización fotoquímica de moléculas para modular la actividad de receptores beta-adrenérgicos** en cardiomiocitos mediante la luz.
- Adquisición de conocimientos en farmacodinamia, farmacocinética y biología celular.
- Producción y mantenimiento de líneas celulares Heck -t policlonales y monoclonales.
- Realicé transfección de células utilizando vectores bacterianos.
- Interpretación de gráficas de absorbancia a longitudes de onda específicas.
- Investigación del efecto de fármacos análogos y betabloqueantes en la expresión de c-AMP.

ABOUT ME

Formación académica y complementaria

2023 - Curso de **Python** - SOC

2022 - Curso "**Visión de 360o de la medicina genómica**" - GENOTIPIA

2019 - Curso de genética forense (nivel introductorio y avanzado) -UCM

2019 - Máster en ciencias forenses en el campo de la criminalística -UCM

2018 - Grado en **Biología** - Uvic

Idiomas

Inglés: Competencia profesional básica

Publicaciones

2019 - Revista Forensic Science International: Genetics Supplement Series (Autor)

- "Efecto de la actividad en la transferencia secundaria de perfiles de ADN"
- “Un método innovador de extracción de ADN: agua versus buffers

Habilidades

- Pensamiento crítico
- Gestión de recursos
- Programación (Python)
- Ciencias forenses
- Técnicas de laboratorio
- PCR en tiempo real
- Extracción de ADN
- Amplificación de cDNA

- Biología molecular
- Genética forense
- Trabajo en equipo
- Resolución de problemas
- Análisis de datos
- Comunicación científica
- Investigación
- Atención al detalle
- Organización

- Electroforesis en gel de agarosa
- Farmacodinamia
- Farmacocinética
- Líneas celulares
- Análisis estadístico
- Bioinformática
- Control de calidad
-

PROJECTS

```

    --- Esta es la secuencia muestra ---
    AGTCTCCGGAGCAAGCGCGCATCTATATACGAAAGTCCTCCTCTGTCTAATGCATCACGAGTATTCCGGTGCGTCCCGGGAT
    GACCACCTCCCTTGTCACTGCTAGCGTTGTCTGTTTGC GCGCAGTT CAGGACTGTTGT CGCGGCTCTGCGGCTCGAGAGACCTTAT
    TAGCTATGGGATAGACTAGCTTATGCGGAAC TCCCCCATTT CATTACGTATCATCATCTGGGAGACGGGCTAGCTGTCGTCGACCAG
    CATTATTGAAGTCAGGCCAACACAAATAAACTAAATTCGAGTAGGAGTTAACCTGTACTCTTCTTGATAGAGGATCAGATCCTATG
    CTGTTTCGATCTTGGCAGTTTACCTAGTCTGCAACCTTACGTAGATTGGATACGAATCACCCAAATGGAGAATACGAATGAGATACTCG
    ATCAGCTAATCGATGGATAGTCGCGGCTGATTGTCACCCAGTCAAAGGCGAATCTTAGAGGTATACACCTATCGGTTTATGCGGACGTG
    CCTGGAGCCAGGAGTTCGCGGAACGACTAACTTGAAC TACACGCCCGGGTATTCTGGACTGCAGGAGGTGGCTTTTGACACCATTTTG
    TCGTCTGATTACACTGCTCTAACTCGCTACCTAAAGCGCTGTTAATGACTAATTCTAGCCACTGATTCTGAATAAAGCAACCAGACAG
    CCCACGAC

    --- Esta es la secuencia referencia ---
    AGTCTCCGGAGCAAGCGCGCATCTATATACGAAAGTCCTCCTCTGTCTAATGCATCACGAGTATTCCGGTGCGTCCCGGGATGACCA
    CCTCCCTTGTCACTGCTAGCGTTGTCTGTTTGC GCGCAGTT CAGGACTGTTGT CGCGGCTCTGCGGCTCGAGAGACCTTATTAGCTAT
    GGGATAGACTAGCTTATGCGGAAC TCCCCCATTT CATTACGTATCATCATCTGGGAGACGGGCTAGCTGTCGTCGACCAGCAGTATTG
    AAGTCAGGCCAACACAAATAAACTAAATTCGAGTAGGAGTTAACCTGTACTCTTCTTGATAGAGGATCAGATCCTATGCTGTTTCGA
    TCTTGGCAGTTTACCTAGTCTGCAACCTTACGTAGATTGGATACGAATCACCCAAATGGAGAATACGAATGAGATACTCGATCAGCTA
    ATCGATGGATAGTCGCGGCTGATTGT CACCCAGTCAAAGGCGAATCTTAGAGGTATACACCTATCAATTCATGCGACGTGCCTGGAGC
    CAGGAGTTCGCGGAACGACTAACTTGAAC TACACGCCCGGGTATTCTGGACTGCAGGAGGTGGCTTTTGACACCATTTTGTGCTCTGA
    TTACACTGCTCTAACTCGCTACCTAAAGCGCTGTTAATGACTAATTCTAGCCACTGATTCTGAATAAAGCAACCAGACAGCCCACGAC

    --- Verificando que la secuencia se ajuste a los parámetros ---
    La cadena se ajusta a los parámetros y contiene triplete
    Counter({'A': 281, 'T': 273, 'C': 262, 'G': 246})
    --- Contando las bases de la secuencia muestra ---
    --- Estas son las cantidades de cada una de las bases de la secuencia muestra ---
    A1G1T1C1T1C2G2A1G1C1A2G1C1G1C1G1C1A1T1C1T1A1T1A1T1A1C1G1A3G1T1C2T1C2T1G1T1C1T1A2T1G1
    C1A1T1C1A1C1G1A1G1T1A1T2C2G2T1G1C1G1T1C3G3A1T1G1A1C2A1C2T1C3T2G1T1C1A1C1T1G1C1T1A1G1C1G1
    T2G1T1C1T1G1T3G1C1G1C1G1C1A1G1T2C1A1G2A1C1T1G1T2G1T1C1G1C1G2C1T1C1T1G1C1G2C1T1C1G1A1G1A1
    G1A1C2T2A1T2A1G1C1T1A1T1G3A1T1A1G1A1C1T1A1G1C1T2A1T1G1C1G1A2C1T1G5A1T3C1A1T2A1C1G1T1A1T1
    C1A1T1C1A1T1C2T1G3A1G1A1C1G3C1T1A1G1C1T1G1T1C1G1T1C1G1A1C2A1G1C1A1T2A1T2G1A2G1T1C1A1G2C2
    A2C1A1C1A3T1A3C1T1A3T2C2G1A1G1T1A1G2A1G1T2A2C2T1G1T1A1C1T1C1T2C1T2G1T1A1T1A1G1A1G2A1T1C1
    A1G1A1T1C2T1A1T1G1C1T1G1T2C1G1A1T1C1T2G2C1A1G1T3A1C2T1A1G1T1C1T1G1C1A2C2T2A1C1G1T1A1G1A1
    T2G2A1T1A1C1G1A2T1C1A1C3A3T1G2A1G1A2T1A1C1G1A2T1G1A1G1A1T1A1C1T1C1G1A1T1C1A1G1C1T1A2T1C1
    G1A1T1G2A1T1A1G1T1C1G1C1G2C1T1G1A1T2G1T1C1A1C3A1G1T1C1A3G2C1G1A2T1C1T2A1G1A1G2T1A1T1A1C1
    A1C2T1A1T1C1G2T2C1A1T1G1C1G1A1C1G1T1G1C2T1G2A1G1C2A1G2A1G1T2C1G1C1G2A2C1G1A1C1T1A2C1T2G1
    A2C1T1A1C1A1C2G1C2G3T1A1T2C1T1G2A1C1T1G1C1A1G2A1G2T1G2C1T4G1A1C1A1C2A1T4G1T1C1G1T1C1T1G1
    A1T2A1C1A1C1T1G1C1T1C1T1A2C1T1C1G1C1T1A1C2T1A3G1C1G1C1T1G1T2A2T1G1A1C1T1A2T2C1T1A1G1C2A1
    C1T1G1A1T2C1T1G1A2T1A3G1C1A2C2A1G1A1C1A1G1C3A1C1G1A1C1G1A1G2T1C2T1A1T1A1C1G4A1T1G1A1T1C1
    A2G2T1A1C1T1G1A1T1A3T3G1T3G1C1G1C1A2C1G1T1A1T1C3T1A1G1T1A2C1G1T1G1C1T1A1T1A1G1C1T3G1T1G1
    T1A1C1A1C2A1C2A1G1A2T1C1A1T1A2T2G2T1G2T1A3T1C2G2A1T1C1A1T2A1C1G1T3G1C1T1A2C1A1G2T1G1C1T1
    G1A3C2A1G1C4G1C1G1T2A1C1G1T1A3G1T1A2G1C1A1C1A2G1T1G1C1A2T1G2T1C2A2C1T1C1G1A1C2T1G1C1T1C1
    G1A1G1A2G1T1A1G1T1C1A2T1A1T2G1A3T1A1G1A1G1A1T1C2A1G1C3T3A2C1A1C1G1A1T2C2T1G2C1A1G1A2G1A3
    G1A1G1T1A1G1C2A1G1T1C1A1G1C1G1T1C2A1G1C2A1G2T1A1G1A1T1G1C3T1A2T1C1T1G1A1T1A1G1T1G1A1T2C1
    A2G1T1A1T1C1T2G1T1A1G2C1A1C2A1G1A1C1A1G1C4T2A1C1G1T1A1G1T3A1C2T1A1G1

    --- Diferencias vistas en la muestra vs secuencia de referencia ---
    En la posición 258, hay un cambio de base en función de la secuencia de referencia: G ->
    T
    En la posición 505, hay un cambio de base en función de la secuencia de referencia: A ->
    G
    En la posición 506, hay un cambio de base en función de la secuencia de referencia: A ->
    G
    En la posición 1026, hay un cambio de base en función de la secuencia de referencia: A
    -> G
    En la posición 1027, hay un cambio de base en función de la secuencia de referencia: G
    -> T
    En la posición 1031, hay un cambio de base en función de la secuencia de referencia: T
    -> C
    ...

```

SNPs_finder.py

Class Paciente

ATRIBUTTES

Id_paciente : str
Nombre : str
Apellido: str
Edad: int
Genero: str
Muestra_ADN: list
Secuencia_referencia:list

METHODS

__init__(self)
obtener_informacion()

Class ProgramaPacientes

ATRIBUTTES

pacientes: list

METHODS

__init__(self)
agregar_paciente(paciente)
mostrar_pacientes()
mostrar_menu()
buscar_paciente(id_pacient