

Curriculum vitae

Información Personal:

Nombre: Rebeca Campos Sánchez

Teléfono: 2511 2294

Correo: rebeca.campos@ucr.ac.cr

Grupo: Microbiología y Patología.

Especialidad: Biología Molecular, Genética, Bioinformática

Estudios:

The Pennsylvania State University, Pennsylvania, PhD. en Genética y Bioinformática, Estados Unidos de América. 2015.

Universidad de Costa Rica, MSc. en Biología Molecular y Celular, 2005.

Instituto Tecnológico de Costa Rica, Bach. en Ingeniería en Biotecnología, 2003.

Docencia:

Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica.

Posgrado en Ciencias Biomédicas, Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas, Universidad de Costa Rica.

Experiencia laboral

2020- presente Profesora asociada de Facultad de Microbiología y Posgrado en Ciencias Biomédicas, Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas, Universidad de Costa Rica

2018- presente Representante en el Consejo de Bioinformática Clínica del Ministerio de Salud de Costa Rica

2018- presente Coordinadora del programa de eLearning CABANA para Latinoamérica

2015-2019 Profesora invitada ex becaria de la Facultad de Microbiología y Posgrado en Ciencias Biomédicas, Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas, Universidad de Costa Rica

2005- presente Investigadora del CIBCM

Últimas publicaciones:

Molina-Mora, J.A., Chinchilla-Montero, D., Chavarría-Azofeifa, M., Ulloa-Morales A.J., Campos-Sánchez R., Mora-Rodríguez R., Shi L, García F. Transcriptomic determinants of the response of ST-111 *Pseudomonas aeruginosa* AG1 to ciprofloxacin identified by a top-down systems biology approach. *Sci Rep* 2020; 10: 13717. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-70581-2>

Vegesna R., Tomaszewicz M., Ryder O.A., Campos-Sánchez R., Medvedev P., DeGiorgio M., Makova K.D. Ampliconic Genes on the Great Ape Y Chromosomes: Rapid Evolution of Copy Number but Conservation of Expression Levels. *Genome Biology and Evolution* 2020; 12 (6): 842–859, <https://doi.org/10.1093/gbe/evaa088>

Molina-Mora J.A, Campos-Sánchez R, Rodríguez C, Shi L, García F. High quality 3C de novo assembly and annotation of a multidrug resistant ST-111 *Pseudomonas aeruginosa* genome: Benchmark of hybrid and non-hybrid assemblers. *Scientific Reports* 2020; 10 (1): 1-16.

Molina-Mora J.A, Campos-Sánchez R, García F. Gene Expression Dynamics Induced by Ciprofloxacin and Loss of LexA Function in *Pseudomonas Aeruginosa* PAO1 Using Data Mining and Network Analysis. 2018 IEEE International Work Conference on Bioinspired Intelligence (IWOBI), San Carlos, 2018, pp. 1-7. doi: 10.1109/IWOBI.2018.8464130

Campos-Sánchez R, Sandoval-Carvajal I. Detection of ERV-Derived Transcripts in Human Testis Using High Throughput Sequencing: Pipeline for Annotation and Genomic Localization. 2018 IEEE International Work Conference on Bioinspired Intelligence (IWOBI), San Carlos, 2018, pp. 1-8. doi: 10.1109/IWOBI.2018.8464183

Cremona M.A., Campos-Sánchez R., Pini A., Vantini S., Makova K.D., Chiaromonte F. Functional data analysis of “Omics” data: how does the genomic landscape influence integration and fixation of endogenous retroviruses?. 2017. In: Aneiros G., G. Bongiorno E., Cao R., Vieu P. (eds) *Functional Statistics and Related Fields. Contributions to Statistics*. Springer, Cham

Fungtammasan A, Tomaszekiewicz M, Campos-Sanchez R, Eckert K, DeGiorgio M, Makova K.D. Reverse Transcription Errors and RNA-DNA Differences at Short Tandem Repeats. *Molecular Biology and Evolution* 2016; doi: 10.1093/molbev/msw139.

Campos-Sánchez R, Cremona M A, Pini A, Chiaromonte F, Makova K.D. Integration and Fixation Preferences of Human and Mouse Endogenous Retroviruses Uncovered with Functional Data Analysis. *Plos Computational Biology* 2016; <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pcbi.1004956>.

Tomaszekiewicz M, Rangavittal S, Michalovova M, Campos-Sánchez R, Fescemyer H, Ye D, O'Brien P, Chikhi R, Ryder O, Ferguson-Smith MA, et al. A Time- and Cost-Effective Strategy to Sequence Mammalian Y Chromosomes: An Application to the de novo Assembly of Gorilla Y. *Genome Research* 2016; 26:1-11.