

Conferencia Magistral “Dr. José Narro Robles”



Dr. José Narro Robles

Referente en los ámbitos educativos y de la política pública

Rector de la UNAM

Subsecretario de Salud

Secretario General del IMSS

Secretario de Salud de México de 2016 a 2018

Medalla al Mérito Sanitario de la SMSP

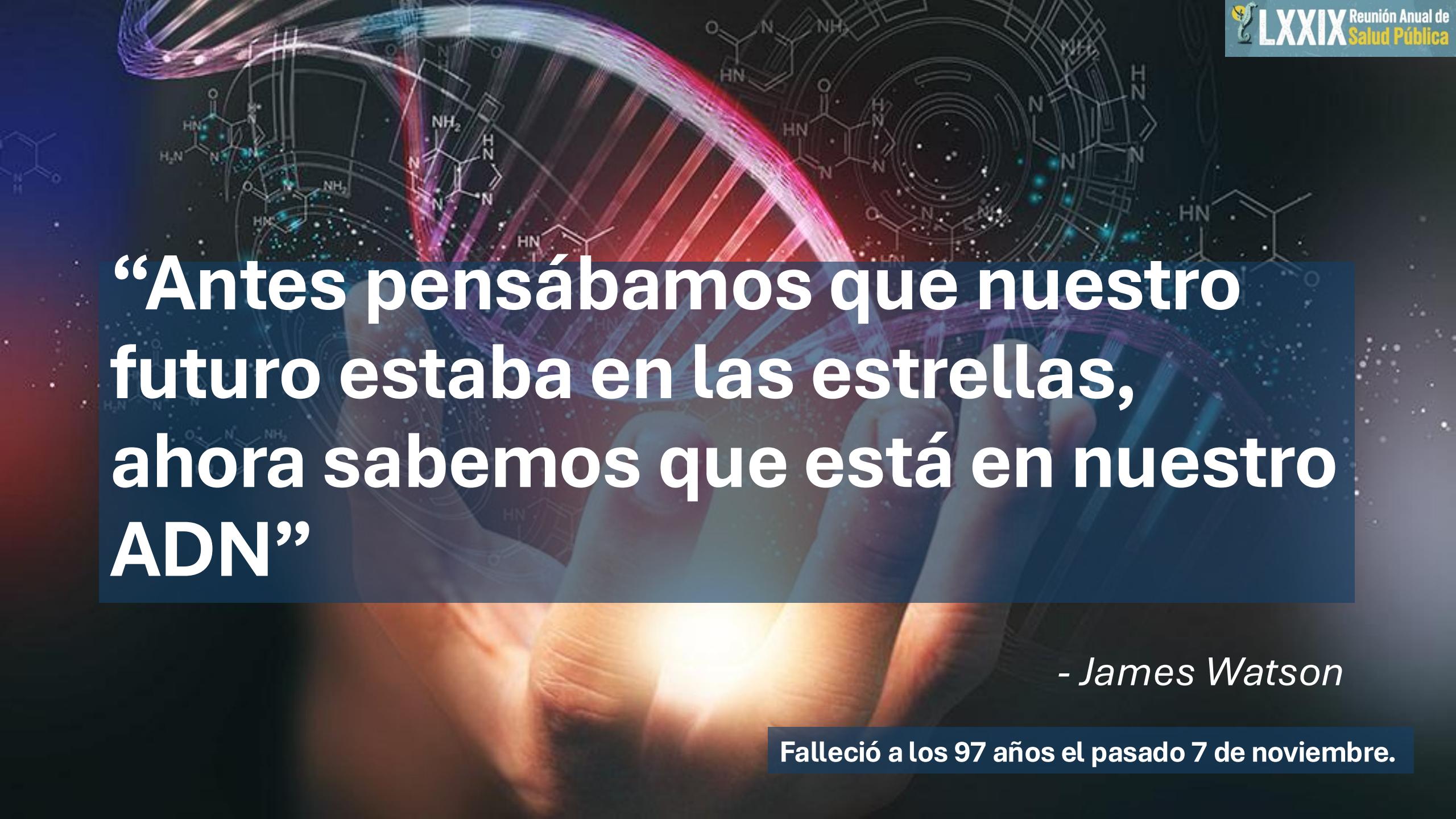
Ha sido distinguido con mas de 10 doctorados Honoris Causa, otorgados por universidades nacionales e internacionales

Miembro de la Academia Nacional de Medicina de México

Autor de múltiples publicaciones sobre salud pública, educación y política social



**Proyecto oriGen: del genoma a la salud
pública**



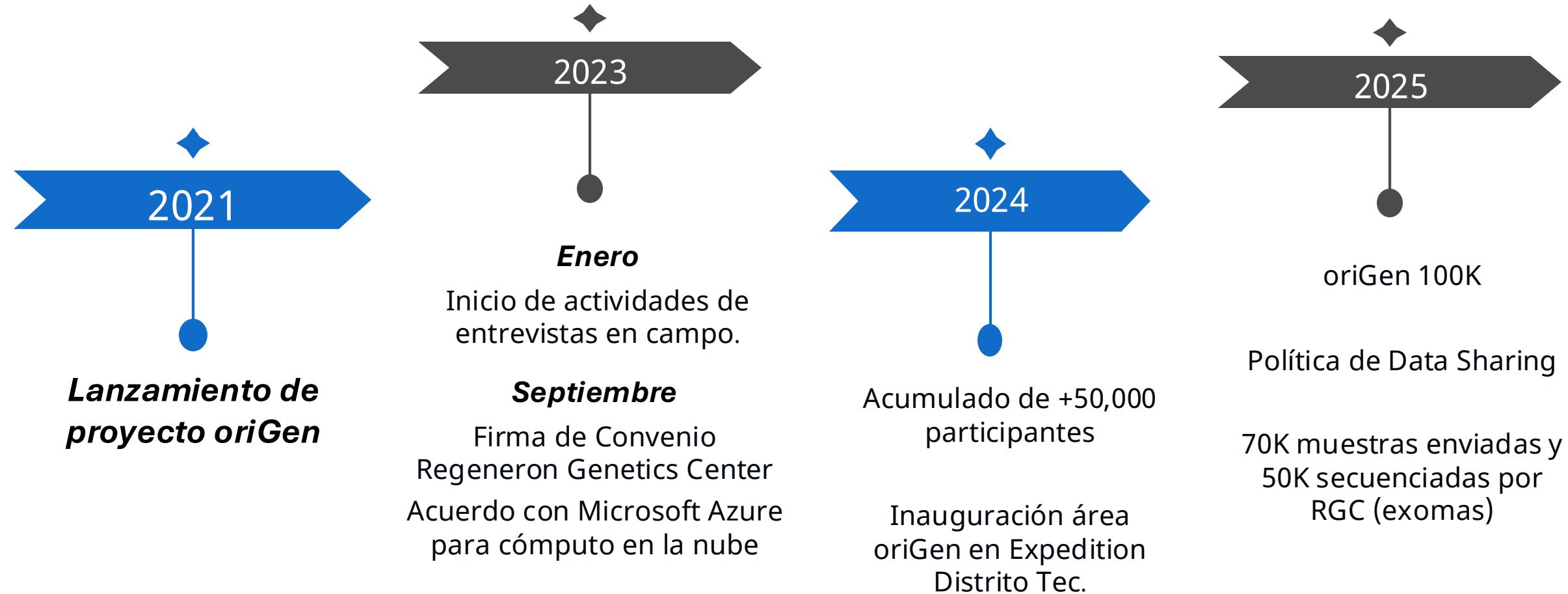
“Antes pensábamos que nuestro futuro estaba en las estrellas, ahora sabemos que está en nuestro ADN”

- James Watson

Falleció a los 97 años el pasado 7 de noviembre.

oriGen es una iniciativa del Tecnológico de Monterrey, que surge con el objetivo de crear una base de datos genómicos que puedan integrarse con datos clínico-epidemiológicos de 100,000 mexicanos mayores de 18 años con la finalidad de impulsar el desarrollo de investigación en beneficio de la sociedad y la salud del país.

oriGen a través del tiempo

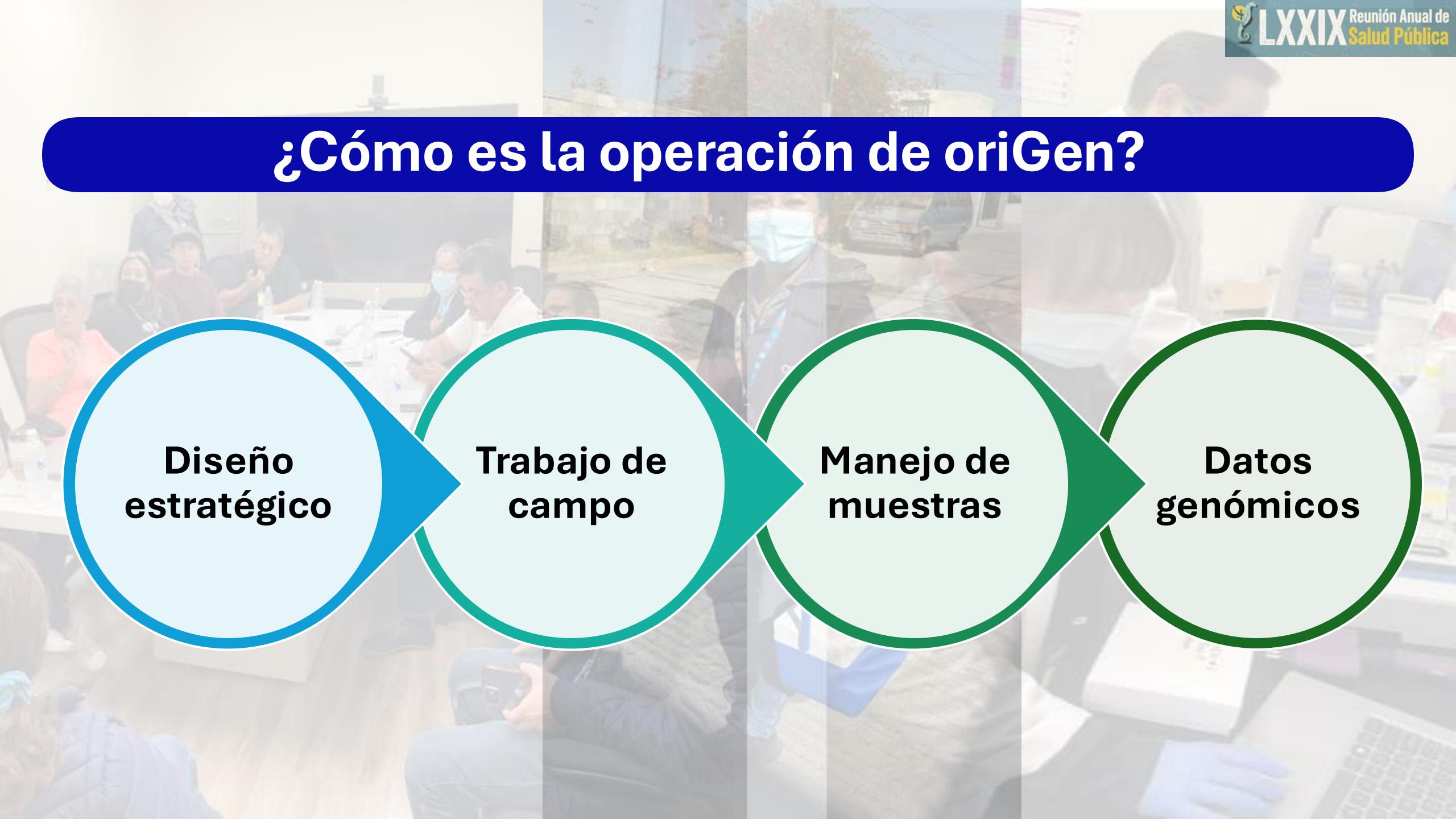


El proyecto consta de 3 actividades principales:



- 1. Registro de participantes en el hogar** (Cuestionario, muestras, antropometría, bioimpedancia)
- 2. Procesamiento de muestras de sangre** (Separación, cuantificación, secuenciación y almacenamiento)
- 3. Plataforma de datos genómicos y clínico-epidemiológicos.**

¿Cómo es la operación de oriGen?



Diseño
estratégico

Trabajo de
campo

Manejo de
muestras

Datos
genómicos

Estrategia previo arranque en Campo

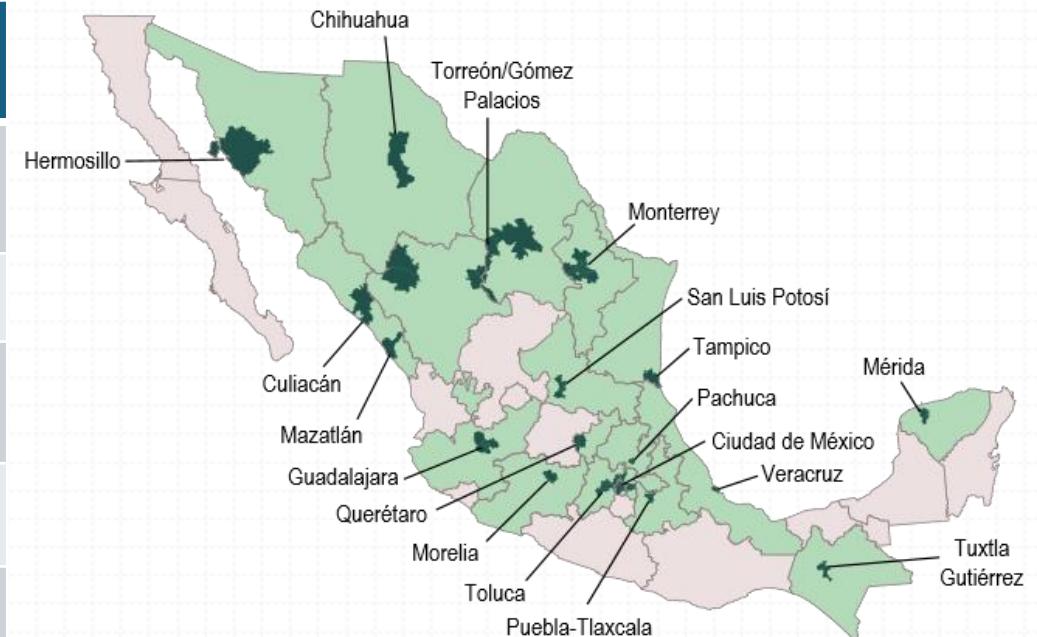
- **Diseño de protocolo**
- **Aprobación de Comités:** Ética e Investigación
- **Financiamiento**
- **Preparación de materiales e infraestructura**
- **Personal y capacitación**
- **Prueba piloto**
- **Avanzada:** difusión, avisos Instituciones de salud, seguridad y municipal
- **Comunicación y página institucional**



¿Cómo se llevó a cabo el registro en campo?

El proyecto se dividió en 4 fases y a través de un enrolamiento en hogares; se aplicó un cuestionario electrónico en el que el participante proporcionó sus datos clínicos y epidemiológicos (demográficos, hereditarios, de hábitos, salud y estilo de vida) algunas mediciones como peso y talla, bioimpedancia, presión arterial, glucosa, colesterol, lípidos, así como una muestra de sangre (para obtención de ADN y sus derivados).

Fase	Fechas	# de participantes	Zona de recolección
1	Enero 23- Julio 23	17,000	Norte
2	Agosto 23-Mayo 24	33,000	Centro
3	Junio 24-Mayo 25	33,000	Centro-Occidente
4	Mayo 2025-Agosto 2025	17,000	Sur-Sureste
		100,000	



Trabajo de Campo

Muestreo: El diseño de muestreo es por conveniencia en su primera etapa en donde se seleccionaron estados donde el TEC tiene presencia (por capacidad de infraestructura) y en una segunda etapa es probabilístico, por conglomerados y con estratificación y consta de 4 etapas basado en el marco geoestadístico diseñado por el INEGI:

1. Selección de Áreas Geoestadísticas Básicas (AGEBs): Se eligen AGEBs mediante muestreo aleatorio simple estratificado.
2. Selección de manzanas: 8 manzanas mediante muestreo aleatorio simple.
3. Selección de viviendas: 15 viviendas por manzana.
4. Selección de respondiente: Se elegirán máximo tres personas por vivienda, cuidando no hubiera una consanguineidad mayor del 10%.



Registro de participantes en domicilio



- Consentimiento informado
- Cuestionario clínico-epidemiológico electrónico
- Toma de muestra sanguínea venosa periférica
- Mediciones antropométricas, toma de signos vitales, bioimpedancia
- Medición de colesterol, triglicéridos y glucosa en sangre capilar.

Numeralia de Trabajo de Campo

Capacitación continua a 80 profesionales:

- Enfermeras
- Encuestadores
- Supervisores
- Coordinadores
- Equipo de coordinación logística tanto de SUASOR como del TEC de Monterrey.



Visitamos 19 estados de la república.

Promedio de **210 entrevistas** completas con muestras y mediciones **diarias**.

Para alcanzar los más de 100 mil participantes, se contactaron a los habitantes de alrededor de **357 mil viviendas**

Equipos:

- 21 Vehículos en campo
- 23 Equipos Inbodys
- 29 Computadoras
- 47 Tablets
- 25 Dataloggers
- 25 Equipos Cardio Check Plus

Retos operativos en actividades de campo

- Tasa de respuesta 30%
- Logística y seguimiento 24/7 a equipos de trabajo en campo.
- Climas extremos (Hermosillo, Son. 45°C a la sombra, inundaciones en áreas de Guadalajara, Jal.)
- En distintas regiones se enfrentaron episodios de situaciones complicadas con autoridades y grupos locales.
- La evacuación urgente de 80 personas y 21 vehículos con equipo de laboratorio por situaciones de riesgo con el crimen organizado.
- En contraste, en algunos estados la población se mostró tan entusiastas que el equipo tuvo que ofrecer mediciones básicas incluso a quienes no fueron seleccionados.

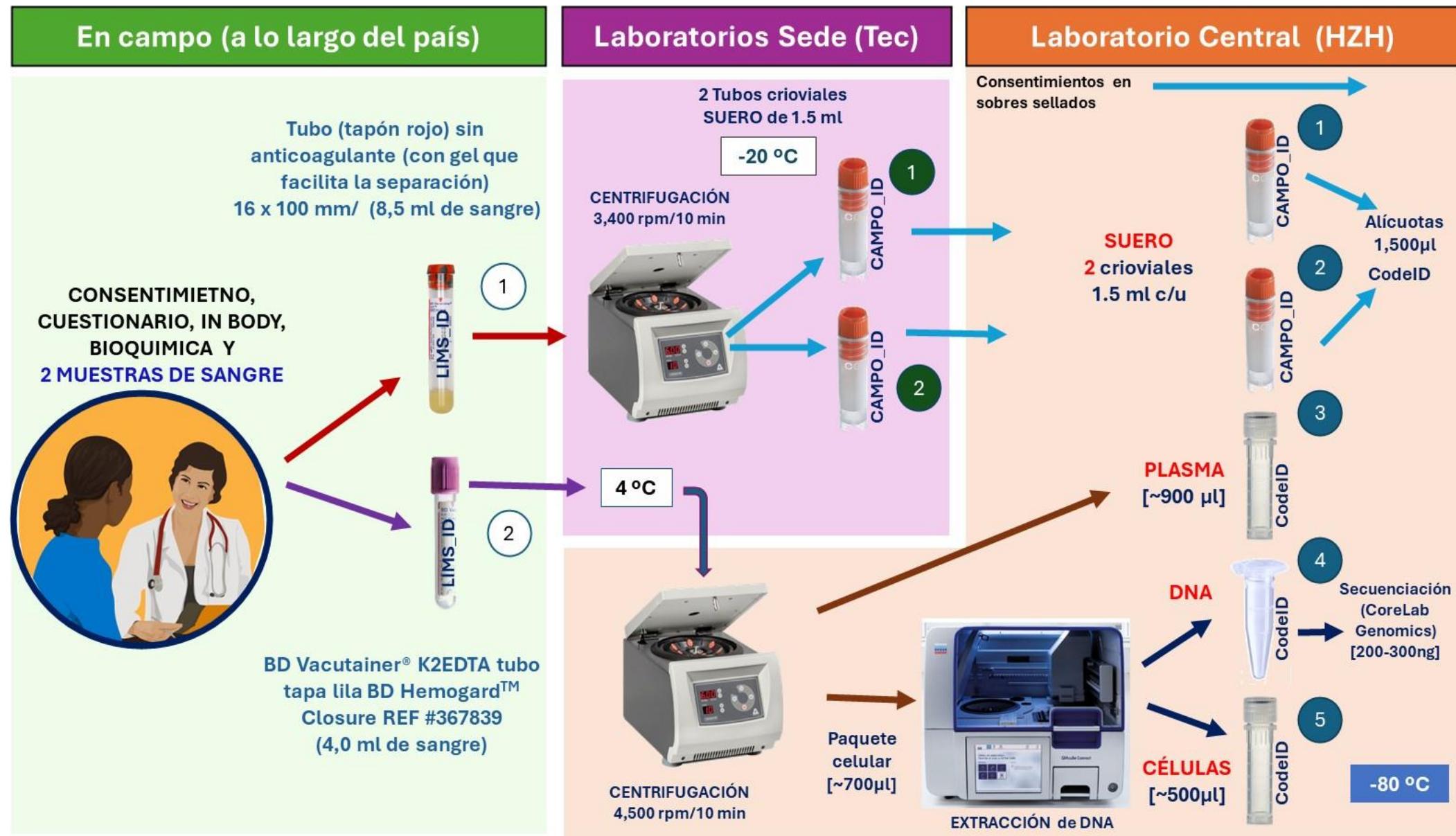


Laboratorios (Manejo de muestras)

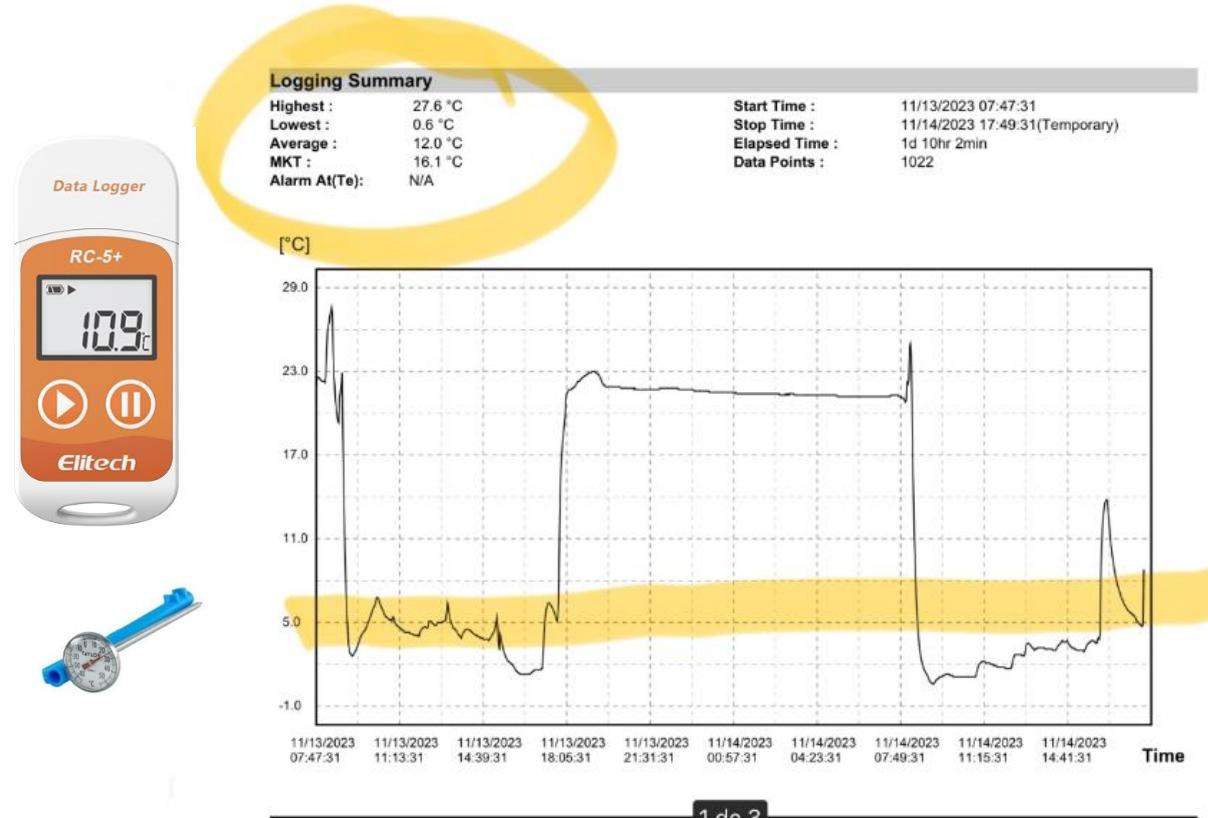
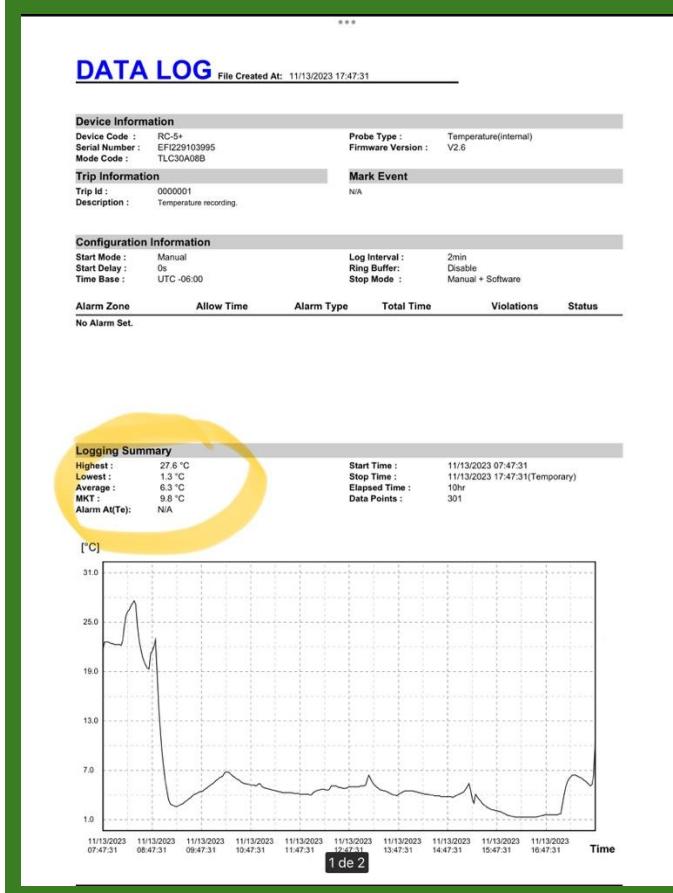


- Recepción, pre tratamiento y almacenamiento de muestras en Laboratorios Sede
- **Control de calidad** de muestras y registros de procesos estandarizados y validados en cada Sede y laboratorio Central oriGen
- **Envíos nacionales** de muestras desde la sede al Laboratorio Central (Hospital Zambrano Hellion) en Monterrey NL
- **Procesos validados** en Laboratorio Central para: separación, extracción, cuantificación y normalización de ADN para envíos a secuenciación RGC.
- **Almacenamiento de 5 alícuotas** por participante en Biorepositorio final (2 suero, plasma, cellpack y ADN)

Proceso de separación de muestra



Trazabilidad en Cadena de Frío: Num. serie Id - Dataloger de enfermera o trasladista



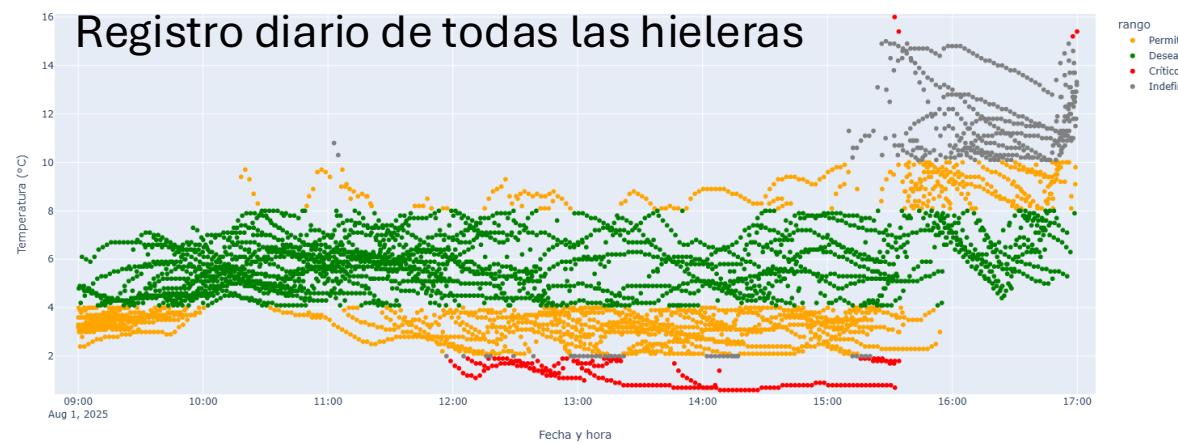
Contamos con la **trazabilidad de temperaturas**, desde el momento en que la muestra se recolecta en campo, se coloca en hielera por enfermera, y sus trasladados a sedes, envío aéreo a Laboratorio central y almacenamiento final.

Registros diarios/Registros semanales de temperatura

Temperaturas por Rango - 2025-08-01



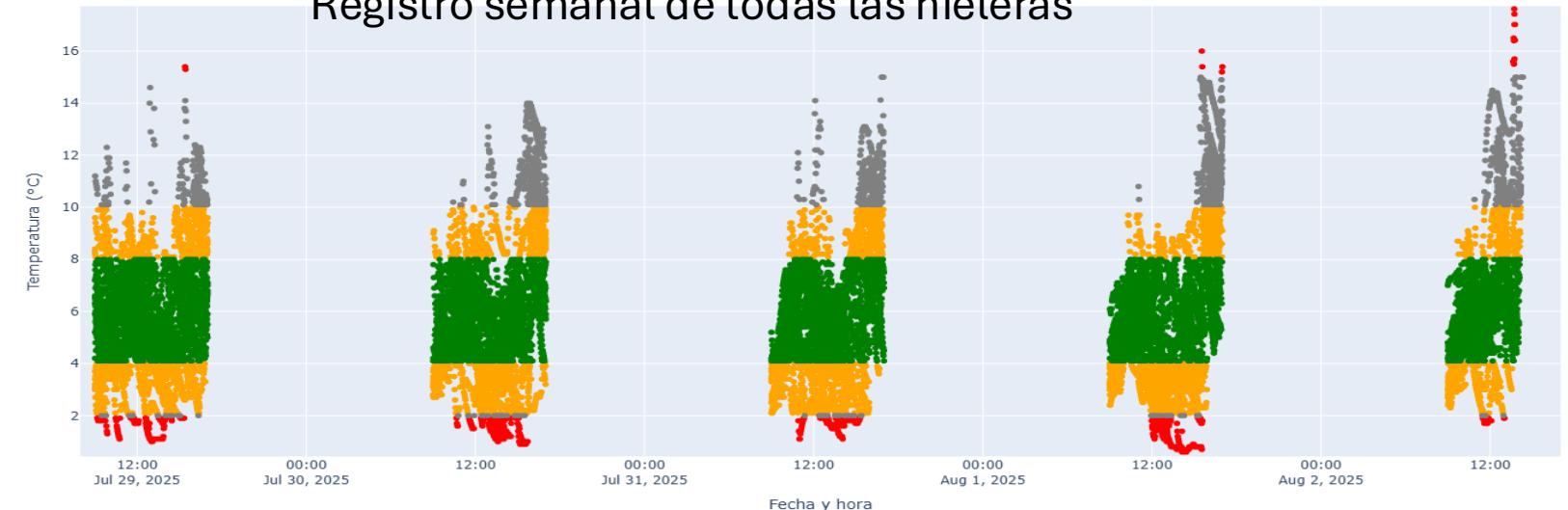
Temperaturas filtradas (09:00:00 - 17:00:00) - Veracruz



Temperaturas filtradas (09:00:00 - 17:00:00) - Veracruz



Registro semanal de todas las hieleras



rango

- Permitible (Yellow)
- Deseable (Green)
- Criticó (Red)
- Indefinido (Grey)



Laboratorios Sede instalados

Fases	Estados (19)	Área Metropolitana	Sede (21)
Piloto	Nuevo León	Monterrey (Piloto)	Campus Central
Fase 1	Nuevo León	Monterrey	H. Zambrano Hellion
	Chihuahua	Chihuahua	Campus Chihuahua
	Tamaulipas	Altamira	Campus Altamira
	Coahuila de Zaragoza	Torreón	Campus Laguna
	Durango	Gómez Palacio	
Fase 2	Cd. De México	Santa Fe	Campus Santa Fe
		Tlalpan (3)	Campus Cd de México
	Estado de México	Toluca	Campus Toluca
		Lago de Guadalupe (2)	Campus Edo de México
		Ecatepec (3)	Tec Milenio (Las Américas)
	Michoacán	Morelia	Campus Morelia
	Hidalgo	Pachuca	Campus Hidalgo
	Puebla	Puebla	Campus Puebla
	Tlaxcala	Tlaxcala	
Fase 3	Jalisco	Guadalajara	Campus Guadalajara
	Sonora	Hermosillo	Campus Sonora Norte
	Sinaloa	Culiacán	Campus Sinaloa
		Mazatlán	Tec Milenio
	Queretaro	Queretaro	Campus Querétaro
Fase 4	San Luis Potosí	San Luis Potosí	Campus San Luis Potosí
	Yucatán	Mérida	Tec Milenio
	Chiapas	Tuxtla Gtz.	Campus Chiapas
	Veracrúz	Veracruz	Tec Milenio

SEDES

- Supervisor de calidad
- Técnicos de Laboratorio (2)
- Instalaciones Campus Tec y Tec Milenio
- Cada Sede cumplió requerimientos de un Lab. clínico
- Permisos COFEPRIS
- Aviso de funcionamiento
- Químico responsable
- Manejo de RPBIs

NOM-087-SEMARNAT-SSA1-2002

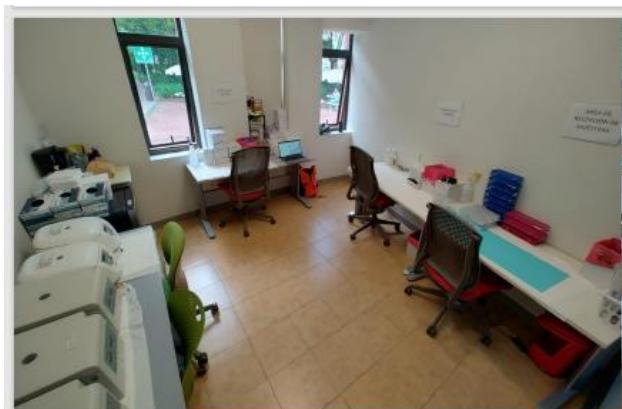
Ejemplos de Laboratorios Sede



Laboratorio de la Sede de Querétaro



Laboratorio de la Sede Ecatepec (Tec Milenio dentro de “Plaza Comercial Las Américas”)



Laboratorio de la Sede Tlalpan

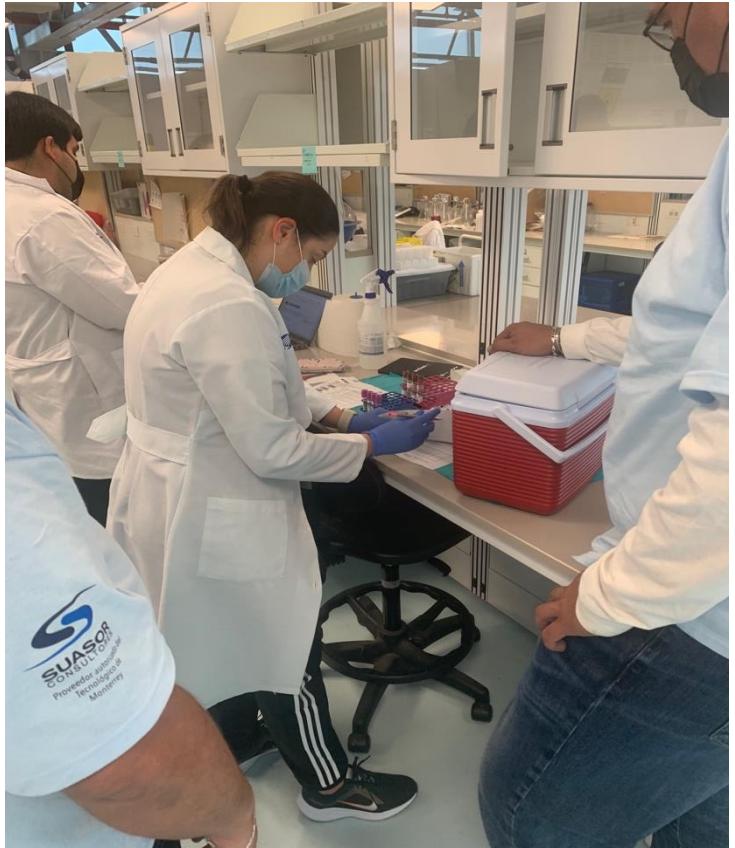


Laboratorio de la Sede Toluca



Laboratorio de la Sede Guadalajara

INICIA EL PILOTO
Recepción de las primeras muestras
Laboratorio. Centro Biotecnología FEMSA
(1,058 muestras)
16 de enero, 2023



FINALIZA ETAPA 4
Recepción de la muestra 100,000
Tec Milenio – Veracruz
12 de agosto, 2025



Biorepositorio: embalajes semanales y transporte de muestras

Tubos de sangre 4°C



Viales de suero -20°C



Embalajes independientes con temperatura controlada



Sistema de envíos – SICAMSA S.A de C.V. - validado
Control de Calidad del proceso

- Cadena de frío
- oriGen Sys: Código de barras / Manifiesto




Infraestructura Laboratorio Central oriGen HZH (Ago 2022 – Ago 2025)



INICIO



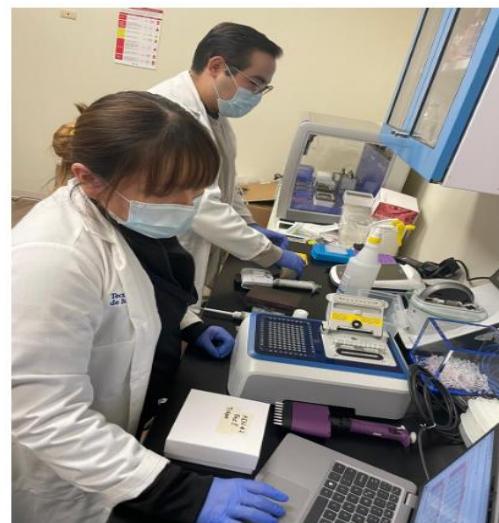
Piso 3: Dos oficinas se hacen un laboratorio



RECEPCIÓN



LABORATORIO



Biorepositorio: envíos a TecBase y a RGN y retorno de resultados

Exomas: **REGENERON®**

ENVÍOS DE MUESTRAS A SECUENCIAR		
Fecha (MM/DD/YYYY)	# Racks	# Muestras
19/02/2024	1	96
21/05/2024	53	5088
24/06/2024	53	5088
22/07/2024	53	5088
26/08/2024	53	5088
22/10/2024	106	10176
03/03/2025	106	10176
23/04/2025	106	10176
23/06/2025	106	10176
26/08/2025	106	10176
Total		71,328

 World Courier®
AmerisourceBergen



RGN = Reporte de 3 Lotes de Exomas secuenciados:
50, 017

Hi Everyone,

Sequencing of the next batch of samples for the TEC-Monterrey cohort is now complete (Freeze 3, N=50,017).

The samples were processed with the Twist Comprehensive Exome design combined with RGC-designed spike-ins for sequencing genotyping sites, the full mitochondrial genome, and boosting coverage at selected sites for assaying clonal hematopoiesis of indeterminant potential (CHIP). Additional information is provided below and with the data freeze.

This email contains a spreadsheet of QC information – “7-29-25 – TEC-Monterrey Sequencing QC Report (Freeze 3, F50K)”. A QC summary is provided below and on the first tab of the spreadsheet. Our standard approach is to provide sample-level VCFs for all samples; samples failing QC, found listed in aggregate on the “QC Fail” tab, are excluded from the project-level VCF.

QC NOTES

1. This continues to be a very high quality data set – very nice work!
2. Throughout the QC file samples are flagged for which freeze, “Freeze 1”, “Freeze 2”, or “Freeze 3”, they were processed in.
3. The “QC Stats” tab shows three fields related to spike-ins to the exome design:
 - a. Mitochondrial Genome Mean Coverage – The mitochondrial DNA spike-in is specifically designed to boost mitochondrial genome coverage. Our target is 300X

Colaboraciones, alianzas y el futuro



Regeneron Genetics Center:

Septiembre 2022: Inicio de negociación con RGC

Septiembre 2023: Firma de convenio para la secuenciación de 100,000 exomas y 10,000 genomas completos

Creación de *oriGen Health Research Center* (Tec-UT Austin)

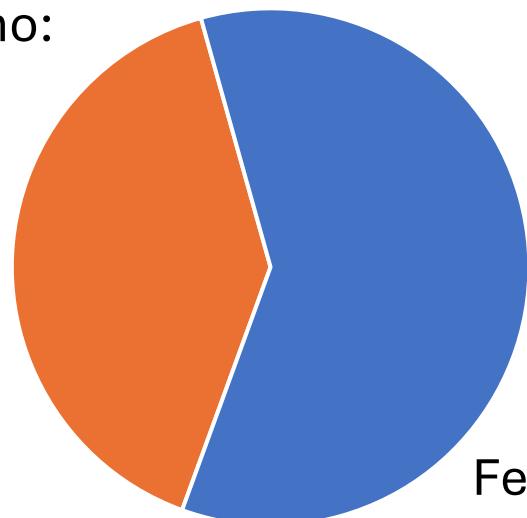
Microsoft AI For Good Lab: almacenamiento y procesamiento de datos dentro de la nube AZURE

Algunos resultados descriptivos básicos de la población oriGen

Desglose por SEXO

N=100,000

Masculino:
40.23%

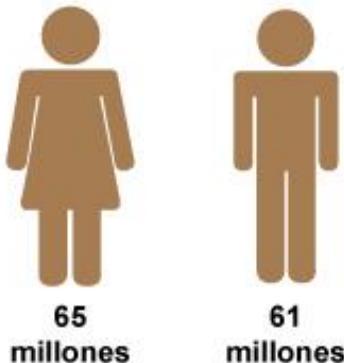


Femenino:
60.09%

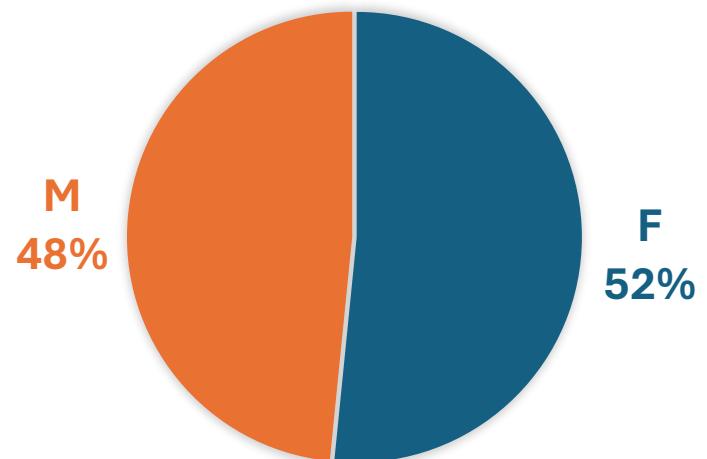
A 2020 en México viven

126 millones

de habitantes...

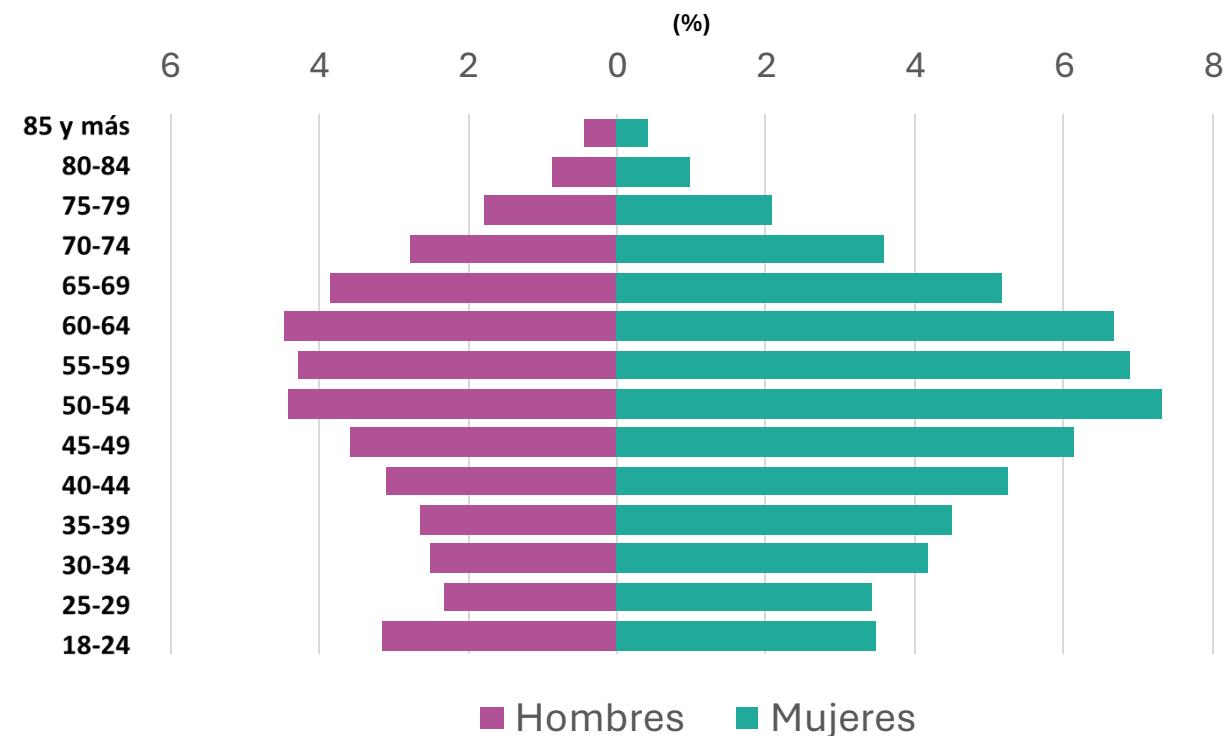


INEGI MEXICO

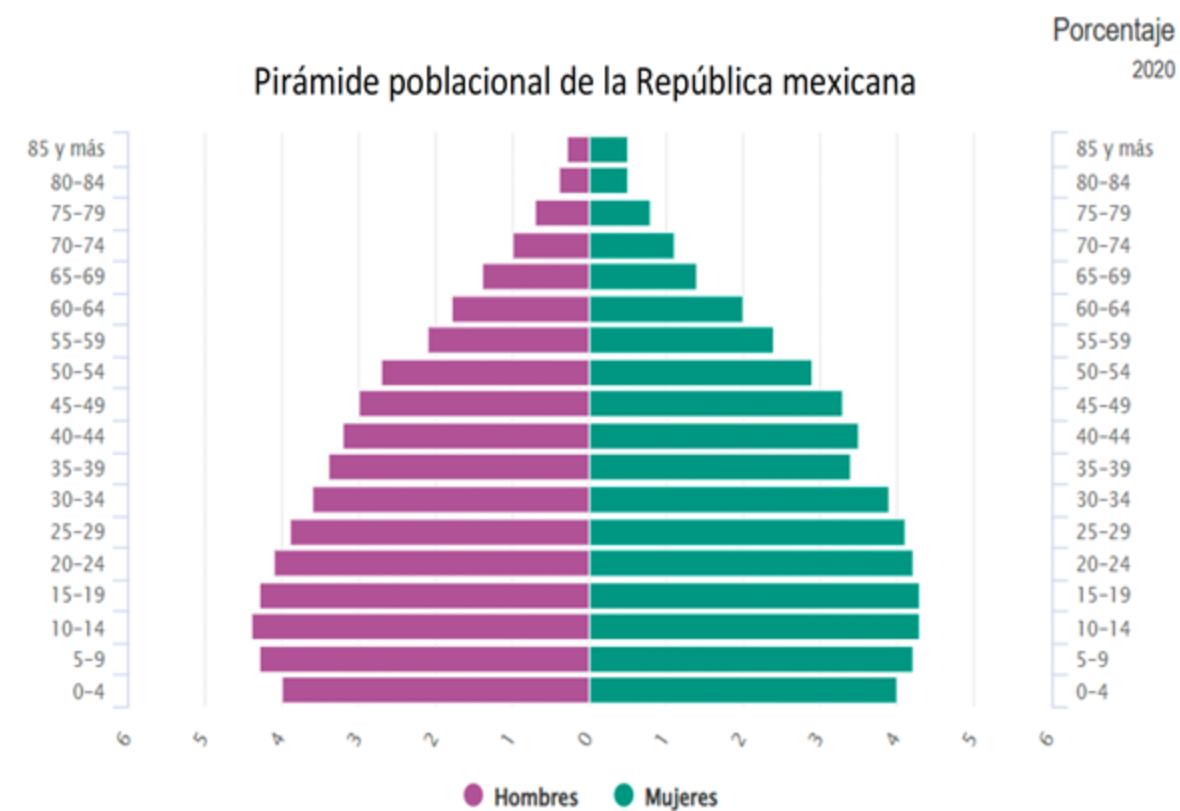


Desglose por edades

Pirámide poblacional oriGen 100,00



Pirámide poblacional de la República mexicana

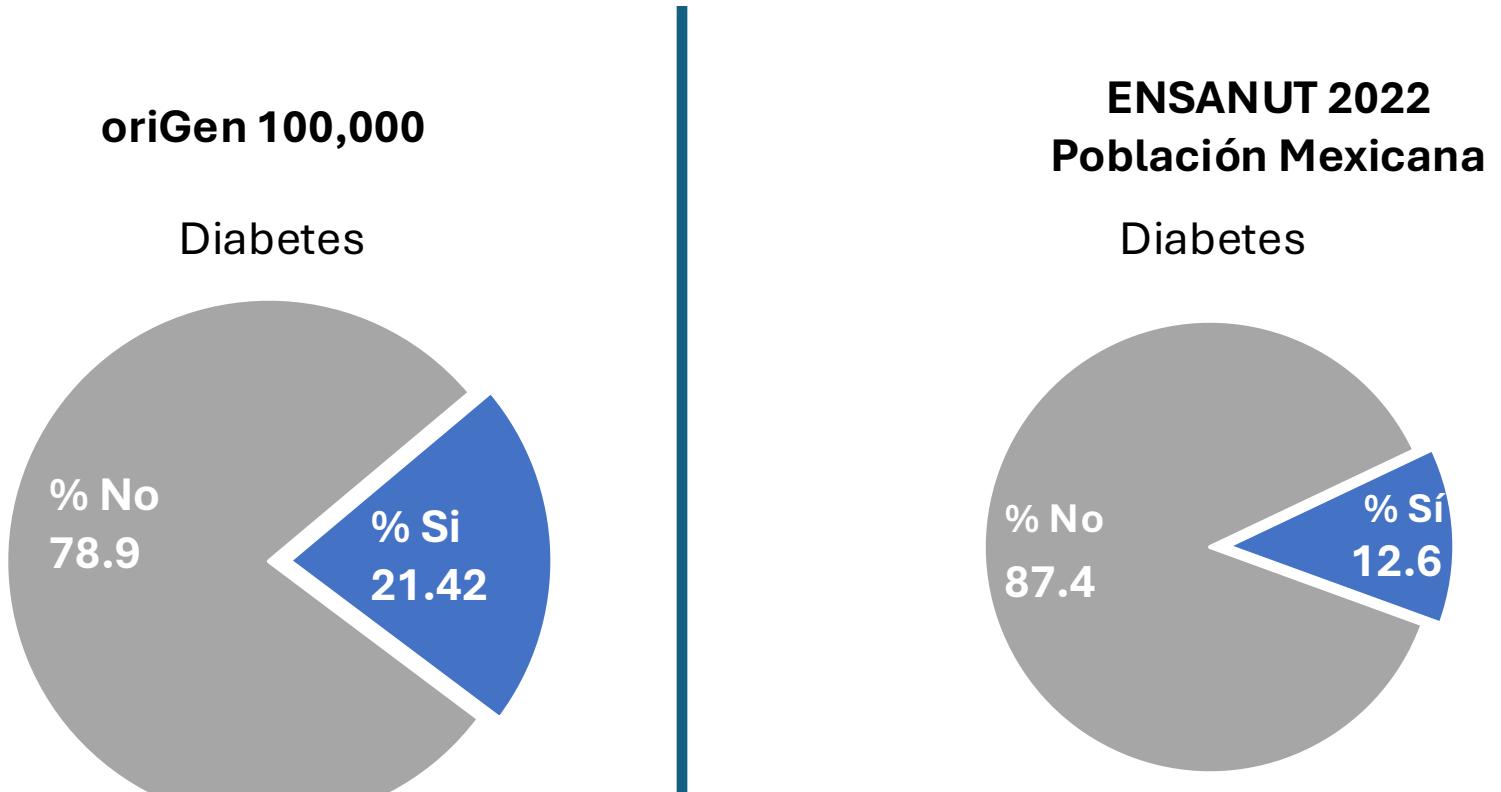


Fuente:

INEGI Censo de Población y Vivienda 2020

Pregunta: ¿Algún médico le ha dicho que padece diabetes o tiene niveles altos de azúcar en la sangre?

El **21.42 %** de la población entrevistada por oriGen respondió que sí. Según la Encuesta Nacional de Salud y Nutrición (ENSANUT) 2022, solo el 12.6 % de la población lo tenía.

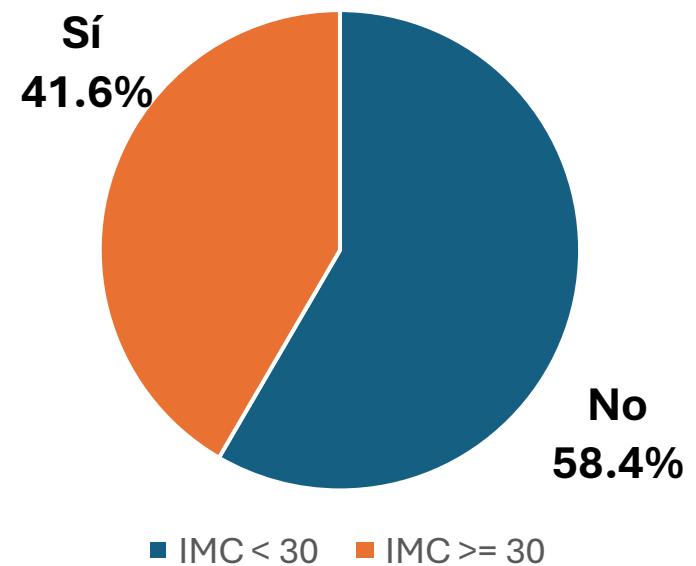


Basto-Abreu y cols. Prevalencia de prediabetes y diabetes en México: Ensanut 2022. Salud Publica Mex. 2023;65(supl 1):S163-S168.

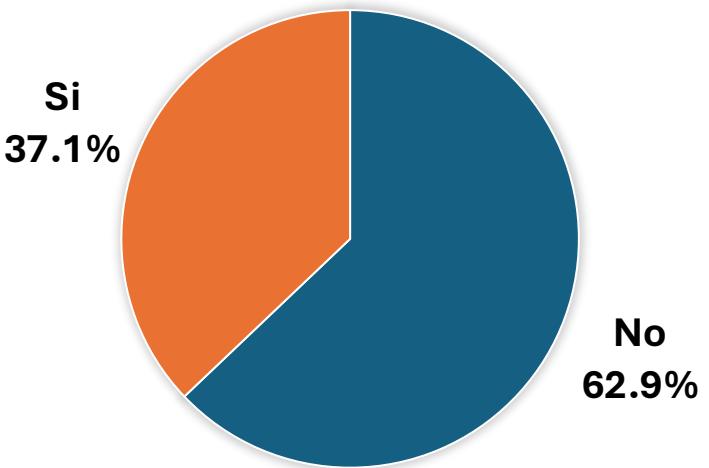
Obesidad

Según la OMS, un IMC > 30 se define como obesidad. En oriGen, la incidencia es del **41.6 %**.

Obesidad (IMC ≥ 30) en 97,477* Participantes



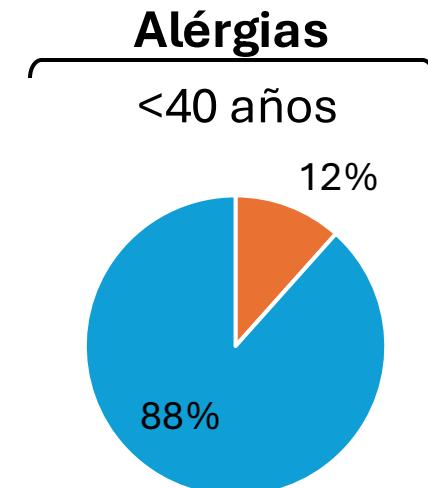
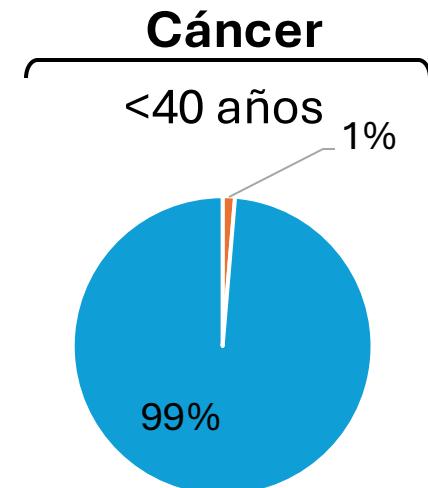
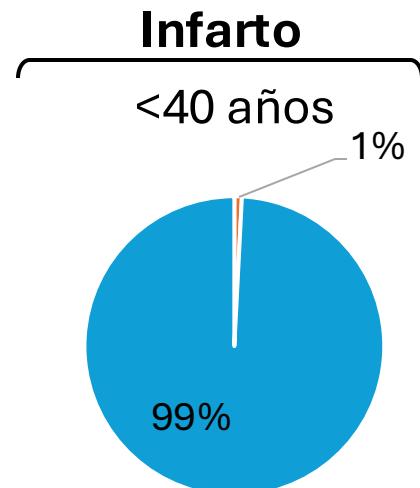
OBESIDAD EN POBLACION MEXICANA



De acuerdo la Encuesta Nacional de Salud y Nutrición ENSANUT Contínua 2020-2023, en México del total de adultos de 20 años.
Barquera y cols. Obesidad en Adultos. Salud Publica Mex. 2024;66:414-424.

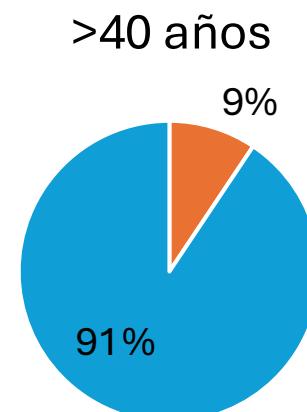
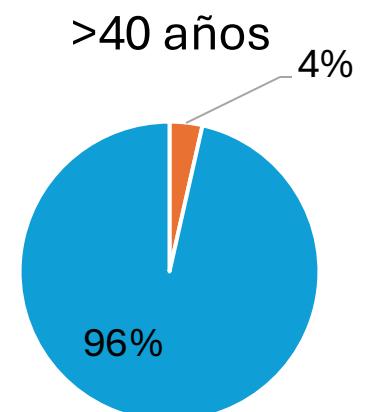
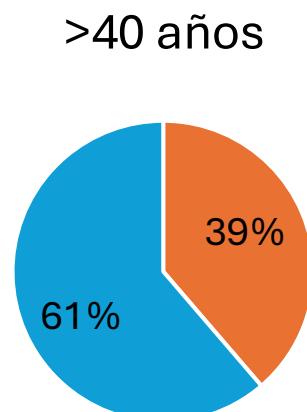
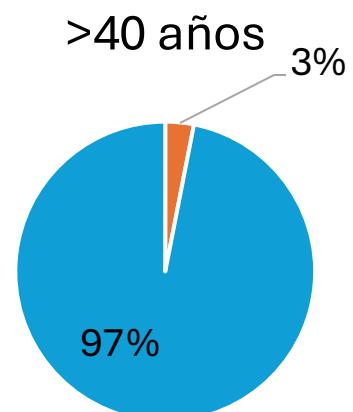
* Algunos no pudieron medirse por embarazo, amputaciones, entre otros.

Además, dada la riqueza de nuestro cuestionario, hicimos la asociación con todas las preguntas y obtuvimos asociaciones que tienen sentido y que apuntan a algunos fenotipos de enfermedad.



■ Infarto Sí ■ Infarto No ■ Hipertensión Sí ■ Hipertensión No

■ Cancer Sí ■ Cancer No ■ Alergías Sí ■ Alergías No

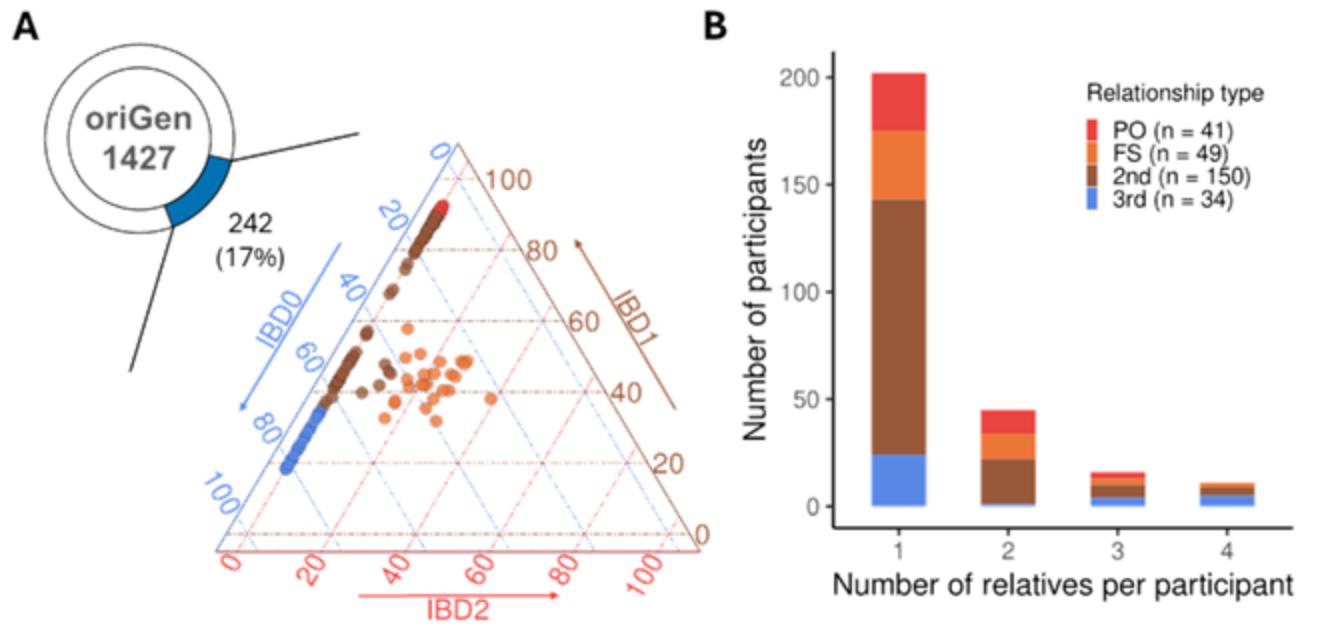


■ Infarto Sí ■ Infarto No ■ Hipertensión Sí ■ Hipertensión No

■ Cancer Sí ■ Cancer No ■ Alergías Sí ■ Alergías No

Algunos resultados de análisis Datos genómicos

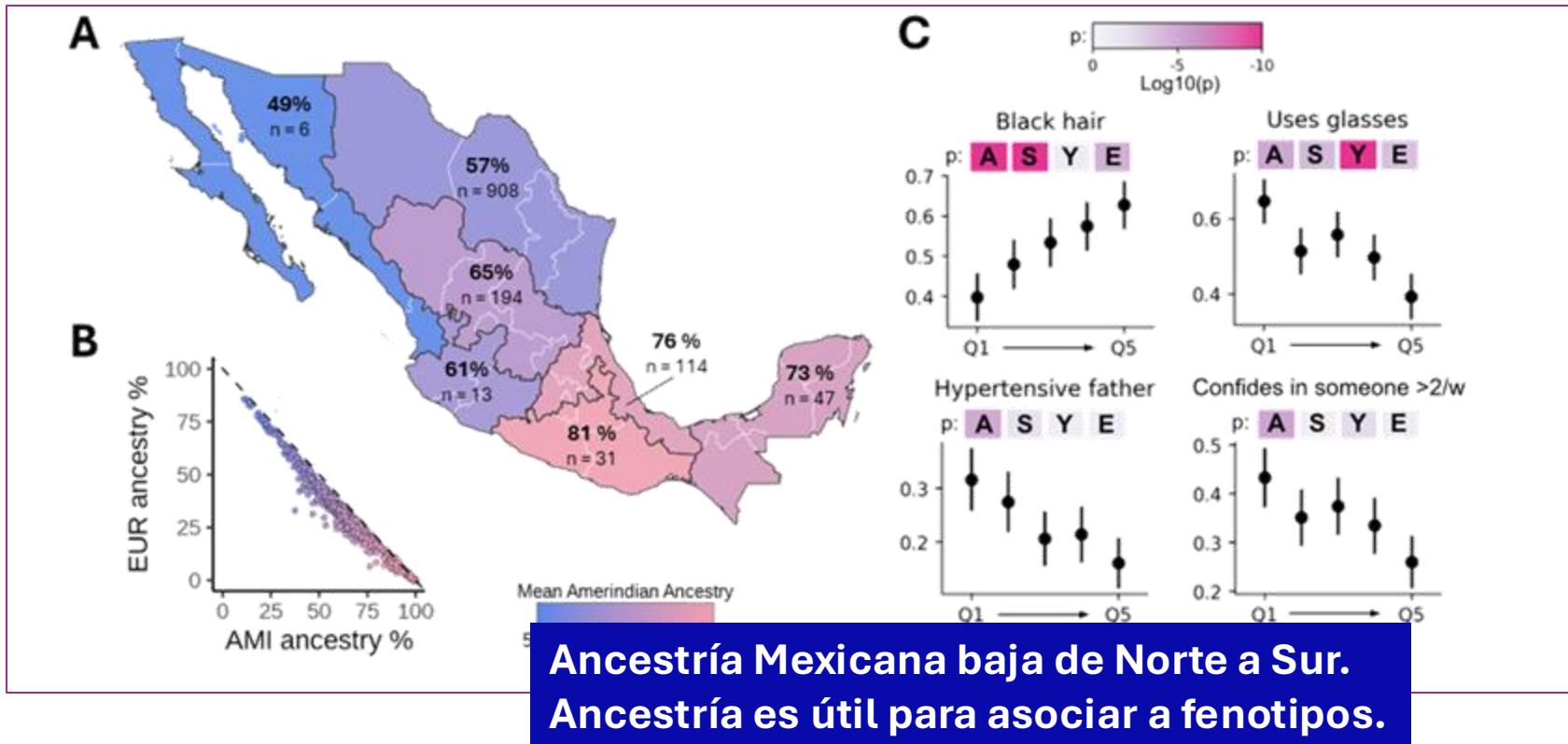
Análisis de variantes en ~1,500 genomas completos del proyecto oriGen



Familiares incluidos en oriGen < 10%

La estimación genética arroja que el 17% de los participantes tienen al menos un familiar de 3er grado (abuelos, tíos, primos segundos) y generalmente solo 1 por lo que nuestra estrategia de baja consanguinidad ha dado resultados.

Por ejemplo, el 25 % de los que tienen alguna relación son padres hijos (PO). Primos es lo mas frecuente y es probablemente difícil de identificar en campo a priori.



**Ancestría Mexicana baja de Norte a Sur.
Ancestría es útil para asociar a fenotipos.**

Una vez que calculamos la ancestría que resultó principalmente americana y luego europea con un residual pequeño africano, distribuimos a los participantes en el lugar en donde nacieron a pesar de haber sido muestreados en Nuevo Leon y resulta que hay un gradiente de ancestria americana que incrementa de norte a sur.

¿Cómo conecta esto con la salud pública?

- **Medicina personalizada:** usar datos genéticos para diseñar tratamientos más efectivos y seguros.
- **Epidemiología genómica:** rastrear brotes (como COVID-19) mediante el análisis del genoma de virus y bacterias.
- **Tamizajes poblacionales:** detectar predisposición genética a enfermedades como cáncer o diabetes.
- **Políticas de salud basadas en evidencia genética:** por ejemplo, decidir qué poblaciones deben recibir ciertas vacunas o intervenciones.

1. Aproximación dirigida – estudios de genes candidatos - ejemplo

HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR

Alteración del metabolismo de lípidos

Frecuencia: 1:280

Genes asociados: LDLR, APOB, and PCSK9.

Penetrancia: 100%

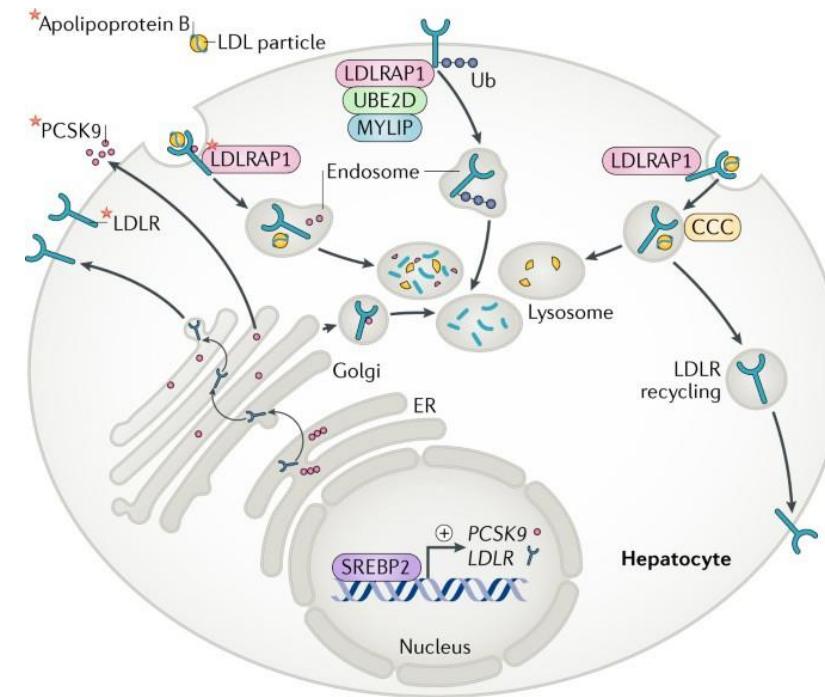
Patrones: heterocigotos

Muy severo: heterocigotos compuesto

Hipercolesterolemia familiar

 Receptor para LDL	- Déficit (o ausencia) de R-LDL (70-90%)
 ApoB	- Déficit (o ausencia) de ApoB
 PCSK-9	- Exceso (o gain of action) de PCSK-9
LDLRAP	AR - Déficit

METABOLISMO DE LIPOPROTEINAS Y COLESTEROL



Este conjunto genético ilustra cómo la **medicina de precisión** puede **identificar variantes genéticas** específicas que determinan la severidad del trastorno y orientar tratamientos personalizados que incluyen estatinas, ezetimiba o inhibidores de PCSK9, además de modificaciones en estilo de vida

Identificación de variantes genéticas asociadas a un Fenotipo, en la cohorte de 1,427 Genomas de oriGen

HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR

Alteración del metabolismo de lípidos

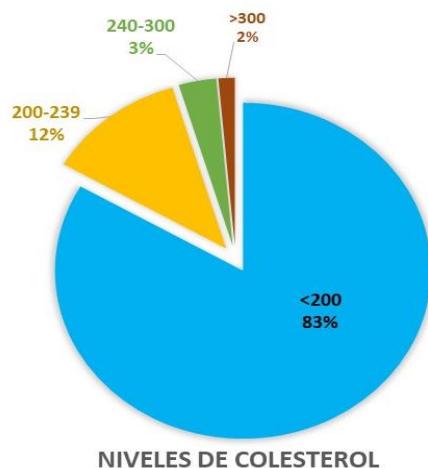
Frecuencia: 1:280

Genes asociados: LDLR, LDLRAP1, APOB, APOA2, and PCSK9.

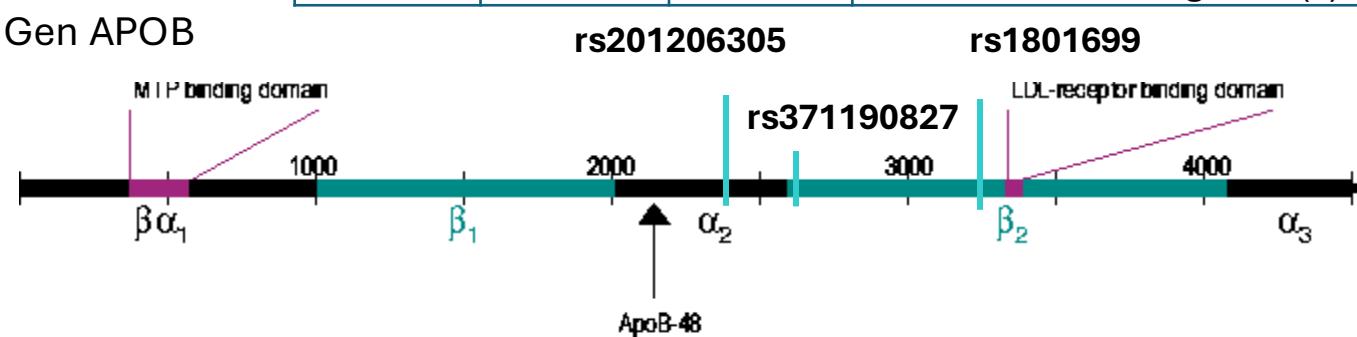
N = 1,425

Variantes = 4,253

Patogénicas (previamente reportadas) = 0



GEN	VARIANTES	EXÓNICAS	DESCRIPCION	SUJETOS
APOA2	77	63	Frameshift, incierta reportada	2
APOB	802	126	Incierta (2) Citaciones (5) Intrónica (1)	4
EPHX2	907	43	Poblacionales	0
LDLR	1054	52	Probablemente patogénicas (2)	9
LDLRAP1	523	25	Probablemente Patogénica (1)	2
PCSK2	889	29	Probablemente Patogénica (2)	2



La HF es uno de los mejores ejemplos de **Medicina de Precisión** que fácilmente podemos aplicar con información de oriGen.

- En un análisis de “**asociación de genes candidatos**”, seleccionamos los genes más comúnmente asociados a HF y buscamos la frecuencia alélica de las mutaciones previamente reportadas a esta patología.

ClinVar - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar>

OMIM - <http://www.omim.org> disease-associated genetic variants.

DECIPHER - <http://decipher.sanger.ac.uk> (Ensembl genome browser).

Human Gene Mutation Database - <http://www.hgmd.org> much of the content.

Leiden Open Variation Database - <http://www.lovd.nl>

<http://www.hgvs.org/dblist/dblist.html>

Datos de secuencias de los primeros 20,000 exomas

APOE4 ($\epsilon 4/\epsilon 4$) homocigotos representa un riesgo del 60% de desarrollar AZH, frente al 10% de la población general

GENOTIPOS	$\epsilon 2/\epsilon 2$		$\epsilon 2/\epsilon 3$		$\epsilon 3/\epsilon 3$		$\epsilon 3/\epsilon 4$		$\epsilon 2/\epsilon 4$		$\epsilon 4/\epsilon 4$		TOTAL
EDADES	rs1/rs2	rs1/rs2											
	TCG/TCG	TCG/TCG	TCG/CCG	TCG/CCG	TCG/CCG	TCG/CCG	TCG/CCG	CCG/CCG	TCG/TCG	CCG/CCG	CCG/CCG	CCG/CCG	
81+	0 (0.0%)		26 (4.9%)		409 (76.9%)		90 (16.9%)		0 (0.0%)		7 (1.3%)		532
71-80	2 (0.1%)		91 (4.7%)		1,496 (76.7%)		326 (16.7%)		10 (0.5%)		25 (1.3%)		1,950
61-70	5 (0.1%)		129 (3.5%)		2,884 (77.3%)		647 (17.4%)		19 (0.5%)		45 (1.2%)		3,729
51-60	1 (0.0%)		168 (3.8%)		3,457 (77.7%)		751 (16.9%)		19 (0.4%)		53 (1.2%)		4,449
41-50	3 (0.1%)		136 (3.8%)		2,763 (76.6%)		641 (17.8%)		12 (0.3%)		51 (1.4%)		3,606
18-40	2 (0.0%)		172 (3.2%)		4,235 (78.7%)		899 (16.7%)		16 (0.3%)		55 (1.0%)		5,379
TOTAL	13 (0.1%)		722 (3.7%)		15,244 (77.6%)		3,354 (17.1%)		76 (0.4%)		236 (1.2%)		19,645

Genotipo común y neutro

Nosotros analizamos la presencia del alelo ApoE4 en estado homocigoto en una muestra de casi 20mil exomas de oriGen. Como observamos en la tabla, el genotipo homocigoto no es frecuente en la población. El mas frecuente es el E3/E3 lo cual evidencia que la población hispana no presenta un riesgo alto de Alzheimer debido al genotipo E4/E4.

Prevalencia de variantes de APOE en sujetos con demencia.

	$\varepsilon 2/\varepsilon 2$	$\varepsilon 2/\varepsilon 3$	$\varepsilon 3/\varepsilon 3$	$\varepsilon 3/\varepsilon 4$	$\varepsilon 2/\varepsilon 4$	$\varepsilon 4/\varepsilon 4$	TOTAL
81+	0 / 0 (NA)	9 / 26 (34.6%)	92 / 409 (22.5%)	18 / 90 (20.0%)	0 / 0 (NA)	4 / 7 (57.1%)	123 / 532 (23.1%)
71-80	0 / 2 (0.0%)	14 / 91 (15.4%)	225 / 1,496 (15.0%)	48 / 326 (14.7%)	1 / 10 (10.0%)	8 / 25 (32.0%)	296 / 1,950 (15.2%)
61-70	1 / 5 (20.0%)	13 / 129 (10.1%)	311 / 2,884 (10.8%)	68 / 647 (10.5%)	3 / 19 (15.8%)	9 / 45 (20.0%)	405 / 3,729 (10.9%)
51-60	0 / 1 (0.0%)	13 / 168 (7.7%)	317 / 3,457 (9.2%)	64 / 751 (8.5%)	1 / 19 (5.3%)	6 / 53 (11.3%)	401 / 4,449 (9.0%)
41-50	1 / 3 (33.3%)	7 / 136 (5.1%)	192 / 2,763 (6.9%)	44 / 641 (6.9%)	0 / 12 (0.0%)	1 / 51 (2.0%)	245 / 3,606 (6.8%)
18-40	0 / 2 (0.0%)	9 / 172 (5.2%)	270 / 4,235 (6.4%)	45 / 899 (5.0%)	1 / 16 (6.2%)	1 / 55 (1.8%)	326 / 5,379 (6.1%)
TOTAL	2 / 13 (15.4%)	65 / 722 (9.0%)	1,407 / 15,244 (9.2%)	287 / 3,354 (8.6%)	6 / 76 (7.9%)	29 / 236 (12.3%)	1,796 / 19,645 (9.1%)

Leyenda: <Casos de demencia o con problemas de memoria> / <Participantes con ese genotipo> (porcentaje)

Pero muy interesantemente vimos que cuando seleccionamos a la **población** que en el cuestionario contestaron que tenían ciertas características **de demencia y las asociamos al genotipo E4/E4** entonces vemos como **la población mayor de 60 años si tiene una alta correlación entre demencia y el genotipo homocigoto E4/E4**.

Las implicaciones de esto son muy interesantes porque aunque vimos que la población hispana **en general** no tiene un riesgo alto de presentar Alzheimer debido al genotipo apo E4/E4, pero en aquellas personas que **si tienen demencia** y quizás cumplen con características de demencia por alzheimer, entonces si presentan este genotipo E4/E4 Vamos a ampliar este análisis con un numero mayor de exomas

Situación actual oriGen (2025)

- **100,000 participantes** incluidos en el proyecto
- +80 puntos de control de calidad a lo largo de todas las fases del proyecto
- **1,481 genomas completos**
- **70% de muestras enviadas** a secuenciación de Exomas en RGC
- Infraestructura instalada en Hospital Zambrano Hellion y Expedition FEMSA

Publicaciones

- oriGen Cohort: a Mexican population-based epidemiological and genomic research platform
Publicado en: Journal of Epidemiology & Community Health
- Comprehensive Whole Genome Sequencing of 1,427 Mexican Individuals: Insights from the oriGen Cohort
Enviada a: Nature Communications

Colaboraciones en Proceso

- Instituto para la Investigación en Obesidad (IOR- Tec de Monterrey)
- Institut Pasteur
- INMEGEN
- Universidad de Oxford

Situación actual oriGen (2025)

oriGen cohort: a Mexican population-based epidemiological and genomic research platform

Pablo Kuri-Morales,¹ Rocio Ortiz-Lopez,^{1,2,3} Elena-Cristina Gonzalez-Castillo,^{1,3} Nestor Rubio-Infante,¹ Jose Ramírez-Vega,¹ Rocio-Alejandra Chavez-Santoscoy,^{1,4} Cuitláhuac Ruiz-Matus,¹ Martin De-La-Cruz,⁵ Israel Aguilar-Ordoñez,¹ Gerardo Garcia-Rivas,^{3,6} Servando Cardona,² Miguel Betancourt-Cravioto,⁷ Victor Trevino ,^{1,2,3} Guillermo Torre-Amione^{1,6}

BMJ Group

Kuri-Morales P, et al. *J Epidemiol Community Health* 2025;0:1–8. doi:10.1136/jech-2025-224561

<https://jech.bmj.com/content/early/2025/10/23/jech-2025-224561>

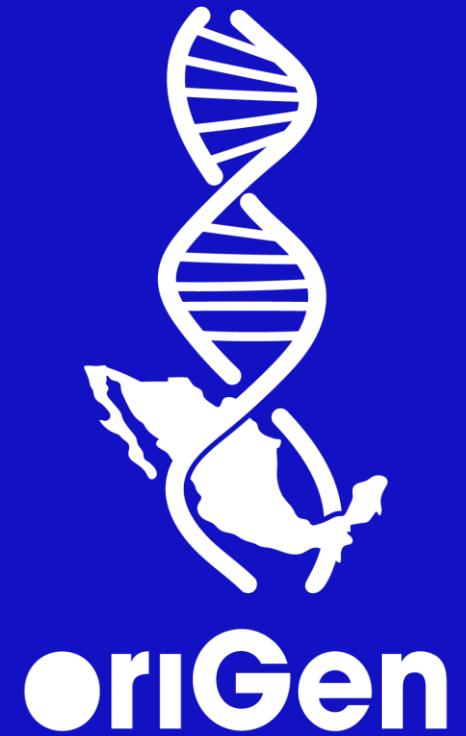
Hacia donde vamos...

- Política para compartir datos
- oriGen como referente de Biobanco Internacional
- Expansión del proyecto mediante proyectos paralelos o similares
- Seguimiento en el tiempo de la cohorte original
 - Eventos de morbilidad y mortalidad



Hoy oriGen es el biorepositorio **más representativo** de población Latina y Mexicana que permitirá el desarrollo de la investigación de impacto en la salud de los habitantes de nuestro país





“ Siempre parece imposible, hasta que se hace”

-Nelson Mandela