



ANÁHUAC MAYAB
Educación Continua

Curso en Data Gen Lab: Bioinformática Aplicada



A DISTANCIA

Sesiones sincrónicas en vivo,
no incluye grabaciones



¿POR QUÉ ESTUDIAR ESTE PROGRAMA?

Convierte datos biológicos en información útil para la investigación

Desarrollarás una experiencia práctica con R, UNIX, Bioconductor y herramientas para datos de secuenciación de nueva generación. A través de ejercicios guiados y plataformas interactivas, podrás construir flujos de trabajo, analizar información genómica y transcriptómica, y presentar resultados mediante reportes y visualizaciones avanzadas.

OBJETIVO DEL PROGRAMA

Aplicarás herramientas bioinformáticas para analizar datos de secuenciación de nueva generación, comprendiendo sus fundamentos, procesos y metodologías.

¿Para quién es este programa?

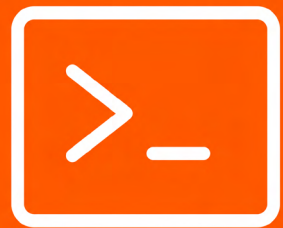
- ✓ Profesionales y estudiantes de Biotecnología y Biología
- ✓ Estudiantes de carreras afines
- ✓ Académicos interesados en bioinformática
- ✓ Personas interesadas en el análisis de datos ómicos

Se recomienda contar con conocimientos básicos de biología molecular y genética, así como habilidades para el manejo de computadoras.

¿Qué aprenderás?

- ✓ Comprenderás los fundamentos de la bioinformática, la genómica y la transcriptómica
- ✓ Utilizarás R, RStudio, UNIX y Bioconductor para trabajar con datos biológicos
- ✓ Consultarás bases de datos nucleotídicas y proteicas
- ✓ Ejecutarás procesos de alineación, control de calidad y limpieza de secuencias
- ✓ Analizarás la expresión génica mediante herramientas y paquetes especializados
- ✓ Generarás visualizaciones, reportes y flujos de trabajo automatizados

Competencias a desarrollar



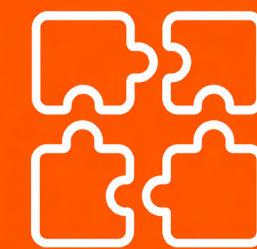
Dominio práctico de herramientas para el análisis de datos genómicos y transcriptómicos



Capacidad para procesar y depurar datos de secuenciación NGS



Criterio para interpretar resultados de expresión génica



Habilidad para integrar herramientas computacionales en proyectos de investigación



Capacidad para automatizar y documentar flujos de trabajo bioinformáticos



DATOS CLAVE

PRESENTACIÓN

DATOS CLAVE

PLAN DE
ESTUDIOS

CLAUSTRO
ACADÉMICO

PROCESO DE INSCRIPCIÓN →

ESTRUCTURA DEL PROGRAMA

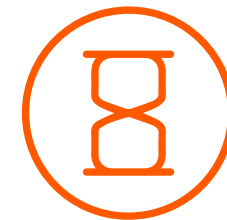
Todo lo que necesitas saber antes de inscribirte.



MODALIDAD

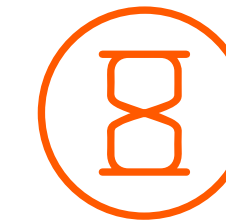
A distancia

Sesiones sincrónicas en vivo, no incluye grabaciones.



NIVEL

Intermedio



DURACIÓN

48 horas

• 12 sesiones | 2 módulos

HORARIOS

Martes y jueves de 18:00 a 22:00 hrs

SOLICITAR INFORMACIÓN →

INVERSIÓN

Inscripción: \$4,000 MXN

Colegiaturas: 2 pagos de **\$4,000 MXN**



ANÁHUAC MAYAB
Educación Continua

MÓDULO 1

Introducción a la Bioinformática y Genómica Computacional

1.1. Conceptos fundamentales de bioinformática

- 1.1.1. Definición y evolución de la bioinformática
- 1.1.2. Importancia en investigación biomédica, agrícola y ambiental

1.2. Fundamentos de genómica y transcriptómica

- 1.2.1. Estructura y organización de genomas y transcriptomas
- 1.2.2. Diferencias y aplicaciones en investigación

1.3. Herramientas y lenguajes comunes en bioinformática

- 1.3.1. Introducción a R para bioinformática con ejemplos en vivo
- 1.3.2. Instalación y entorno de trabajo en RStudio con ejercicios guiados

1.3.3. Introducción a Bioconductor y paquetes clave: DESeq2 y EdgeR

- 1.3.4. Introducción a UNIX para manipulación de archivos con actividades prácticas

1.4. Bases de datos bioinformáticas y alineación de secuencias

- 1.4.1. Acceso y consulta a bases de datos nucleotídicas y proteicas: GenBank y UniProt
- 1.4.2. Uso de herramientas de alineamiento y predicción en tiempo real: BLAST, KEGG y GO

MÓDULO 2

Análisis de Datos de Nueva Generación (NGS)

2.1. Introducción a la secuenciación de nueva generación (NGS)

2.1.1. Diferencias con la secuenciación tradicional Sanger

2.1.2. Tipos de tecnologías NGS y sus aplicaciones

2.2. Preprocesamiento de datos NGS

2.2.1. Control de calidad con FastQC en sesiones prácticas

2.2.2. Limpieza y filtrado de secuencias con Trimmomatic mediante ejercicios interactivos

2.3. Análisis de RNA-Seq

2.3.1. Cuantificación de expresión génica con Kallisto y TopHat mediante implementación en la nube

2.3.2. Análisis diferencial de expresión con DESeq2 y EdgeR mediante ejemplos con datasets reales

2.4. Visualización e interpretación de resultados

2.4.1. Uso de IGV para la exploración de datos genómicos con ejemplos prácticos

2.4.2. Creación de gráficos y reportes en R con sesiones en vivo

2.5. Automatización de flujos de trabajo en bioinformática

2.5.1. Introducción a Galaxy para flujos de trabajo en bioinformática con ejercicios guiados



MTRO.

Rogelio Ivan Servin Uribe

Es Químico Farmacéutico Biólogo por la Universidad Autónoma de Querétaro y maestro en Ciencias con orientación en Neurobiología por el Instituto de Neurobiología de la UNAM, Campus Juriquilla. Actualmente cursa el Doctorado en Ciencias de los Alimentos en la Universidad Autónoma de Querétaro. Ha complementado su formación con cursos especializados en bioinformática, tecnologías genómicas, ciencia de datos genómicos, Python, herramientas de línea de comandos, biología de sistemas y análisis de secuencias.

Desde 2015 se desempeña como analista bioinformático, desarrollando modelos teórico-computacionales de enfermedades y procesos biológicos a partir de datos genómicos, proteómicos y metabolómicos. Cuenta con experiencia en R, Python, bioestadística, aprendizaje automático, minería de datos, análisis de microarreglos, RNA-seq, Bioconductor, Cytoscape y Galaxy, así como en la interpretación biológica de resultados. También ha colaborado en proyectos de investigación del Instituto de Neurobiología de la UNAM relacionados con análisis de datos de RNA-seq.

Ha participado como ponente y tallerista en actividades académicas relacionadas con análisis de expresión génica y divulgación científica, además de presentar trabajos en congresos nacionales e internacionales. Cuenta con publicaciones científicas en áreas de metabolismo, obesidad, resistencia a la insulina y análisis molecular, y ha sido responsable de proyectos financiados por la Universidad Autónoma de Querétaro.

¿QUIÉNES SOMOS?

PRESENTACIÓN

DATOS CLAVE

PLAN DE
ESTUDIOS

CLAUSTRO
ACADÉMICO

PROCESO DE INSCRIPCIÓN →

SOBRE LA UNIVERSIDAD ANÁHUAC MAYAB

MÁS DE 40 AÑOS FORMANDO LÍDERES EN EL SURESTE.

Una institución con vocación de excelencia, acreditaciones internacionales y una comunidad que impulsa el desarrollo profesional y humano de cada alumno.

En la **Universidad Anáhuac Mayab** hemos trabajado de manera constante para ofrecer los mejores programas educativos en la región, diseñando contenidos que responden a las demandas actuales de nuestra sociedad.

Nuestros programas integran conocimientos técnicos especializados con el desarrollo de habilidades de liderazgo, comunicación y trabajo en equipo, asegurando que cada egresado cuente con herramientas de alto valor y conexiones que impulsarán su crecimiento.

Miembros de:

uni>ersia

RECLA
Red de Educación Continua
de Latinoamérica y Europa

edx®

Acreditados por:



FIMPES



Comunidad de impacto

Claustro académico con experiencia real en la industria y una red de egresados con presencia nacional e internacional.



Formación integral

Programas diseñados para desarrollar profesionales con visión estratégica, valores sólidos y habilidades para transformar su entorno.

PROCESO DE INSCRIPCIÓN

01

Entra a nuestra página

merida.anahuac.mx/educacion-continua 

02

Encuentra el programa de tu preferencia

Ubica y da clic al botón “Solicitar información”

03

Llena el formulario de contacto

Encuétralo al final de la página del programa.

04

Espera tu correo de confirmación

Recibirás un mail con los pasos para completar tu inscripción. Síguelos y confirma tu lugar.

CONTACTO

Continúa tu crecimiento profesional



TU ASESORA

GENESIS UICAB

TEL (999) 942 48 00 Ext. 1623

MAIL genesis.uicab@anahuac.mx

WEB merida.anahuac.mx/educacion-continua



ANÁHUAC MAYAB
Educación Continua