

con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

La Facultad de Ciencias Físico Matemáticas (FCFM), la Facultad de Ciencias de la Tierra (FCT) y la Facultad de Ciencias Biológicas (FCB) de la Universidad Autónoma de Nuevo León (UANL), a través del Cuerpo Académico de Sistemas Complejos: Teoría y Simulación, invitan a la comunidad científica a la I Escuela de Verano de Modelación y Herramientas para el Análisis de Datos (I EVMHAD). Esta edición estará enfocada a explorar diversas herramientas y sus aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra. Las actividades de esta escuela serán llevadas a cabo de manera virtual a través de la plataforma Microsoft Teams.

Última actualización: 2 de julio del 2021 a las 12:30 hrs Estaremos colocando el material y actualizaciones del programa en <u>nuestro repositorio en GitHub</u>.

Público Objetivo:

Personas interesadas en las áreas de matemáticas, física, biología, química, biomedicina o áreas afines.

Comité Organizador:

Cynthia Elizabeth Castillo Silva Francisco Hernández Cabrera Francisco Javier Almaguer Martínez

Inscripciones:

Romelia Garza Ramírez

Correo electrónico: rgarzar104994@uanl.edu.mx

Información para mandar al correo electrónico:

- Internos UANL: Nombre completo, facultad, carrera, matrícula, Universidad, correo universitario.
- Externos UANL: Nombre completo, país, estado, universidad, carrera, semestre, y correo institucional.

Constancias:

Para ser acreedor a una constancia el asistente deberá asistir al menos al 10% de las horas de la escuela.











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Expositores:

Joaquín Desiderio López de la Cruz - FCFM UANL Cvnthia Elizabeth Castillo Silva - FCFM UANL Julio César Martínez Sánchez - UANL Erasmo Hinojosa Sáenz - FCFM UANL Fernando Saldaña Jiménez - FCFM UANL Carlos Andrés Rodríguez Avendaño - FCFM UANL María Valentina Iréndira Soto Rocha - FCFM UANL Michael Francisco Emmanuel González Sánchez - FCT UANL Ricardo Miguel Leal López - FCFM UANL Anna Aura Cruz Luévano - UAM Rodrigo Rodríguez Gutiérrez - FCFM UANL Francisco Javier Almaguer Martínez - FCFM UANL Francisco Hernández Cabrera - FCFM UANL Miguel de Jesús Román Narváez - FCFM UANL Aldo Arvey Marín Olvera - FCFM UANL Homero Enrique de la Fuente García - FCFM UANL Roberto Soto Villalobos - FCT UANL Omar González Amezcua - FCFM UANL Patricio Adrián Zapata Morín - FCB UANL

Eduardo A. Rebollar Tellez - FCB UANL











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Semana 1:

Introducción al Análisis de Datos con Python

Joaquín Desiderio López de la Cruz joaquin.lopezdlcz@uanl.edu.mx

Duración: 10 horas

Prerrequisitos: Nociones de estadística, cuenta de Google

Introducción al Análisis de Datos con R

Cynthia Elizabeth Castillo Silva y Julio César Martínez Sánchez cynthia.castilloslv@uanl.edu.mx y julio.martinezsnc@uanl.edu.mx

Duración: 10 horas

Prerrequisitos: Nociones de estadística

Semana 2:

Introducción a Git y a GitHub

Erasmo Hinojosa Sáenz <u>erasmo 98@outlook.com</u> Duración: 2 horas Prerrequisitos: Ninguno

Modelos Epidemiológicos: Historia e Implementación

Fernando Saldaña Jiménez y Carlos Andrés Rodríguez Avendaño fernando.saldanaj@uanl.edu.mx y andres.rodrigueza@uanl.edu.mx

Duración: 5 horas

Prerrequisitos: Haber llevado el curso introductorio a R y nociones básicas de Cálculo

Modelo SIR y Análisis de Datos Epidemiológicos

María Valentina Iréndira Soto Rocha

maria.sotoro@uanl.edu.mx

Duración: 5 horas

Prerrequisitos: Haber llevado el curso introductorio a R

Programación Evolutiva como Herramienta de Búsqueda Exhaustiva

Michael Francisco Emmanuel González Sánchez

michael.gonzalezsa@uanl.edu.mx

Duración: 8 horas

Prerrequisitos: Haber llevado el curso introductorio a R











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Semana 3:

Solución Numérica de Ecuaciones Diferenciales en Python

Ricardo Miguel Leal López miguel.leallpz@uanl.edu.mx

Duración: 4 horas

Prerrequisitos: Haber llevado el curso introductorio a Python

Aplicación de herramientas de aprendizaje automático en el análisis de vocalizaciones de murciélagos

Anna Aura Cruz Luévano auracrlu@gmail.com

Duración: 1 hora Prerrequisitos:

DNA Walk

Rodrigo Rodríguez Gutiérrez

rodrigo.rodriguezgt@uanl.edu.mx

Duración: 5 horas

Prerrequisitos: Bases de estadística y cálculo, conocimientos generales de biología y bioquímica

Modelación Estocástica

Francisco Javier Almaguer

francisco.almaguermrt@uanl.edu.mx

Duración: 1 hora

Prerrequisitos: Nociones de probabilidad. Deseable conocimientos de álgebra

Modelación de Sistemas Dinámicos

Francisco Hernández Cabrera

francisco.hernandezcbr@uanl.edu.mx

Duración: 3 horas

Prerrequisitos: Haber llevado el curso introductorio a R. Cálculo diferencial, nociones de ecuaciones diferenciales, matrices

Análisis Mecánico de una Burbuja y el Estrés Estudiantil

Miguel de Jesús Román Narváez miguel.romannr@uanl.edu.mx

Duración: 1 hora Prerrequisitos: Ninguno

Medicina de Precisión

Francisco Hernández Cabrera

francisco.hernandezcbr@uanl.edu.mx

Duración: 1 hora Prerrequisitos: Ninguno











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Semana 4:

Método de Kriging para Interpolación Espacial

Aldo Arvey Marín Olvera

aldo.marinoa@uanl.edu.mx

Duración: 5 horas

Prerrequisitos: Haber llevado el curso introductorio a Python

¿Qué es la aleatoriedad?

Homero Enrique de la Fuente García

hdelafuenteg@uanl.edu.mx

Duración: 3 horas

Prerrequisitos: Haber llevado el curso introductorio a R, nociones de estadística

Generación de Números Aleatorios con Distribución no Uniforme

Roberto Soto Villalobos

roberto.sotovll@uanl.edu.mx

Duración: 4 horas

Prerrequisitos: Haber Ilevado el curso introductorio a R. Contar con una computadora para realizar los ejercicios del taller. Contar con conocimientos elementales de la teoría de Probabilidad

Lenguajes de Programación

Erasmo Hinojosa Sáenz

erasmo98@outlook.com

Duración: 2 horas Prerrequisitos: Ninguno

Dinámica Molecular de biomoléculas (Coarse-grained)

Patricio Adrián Zapata Morín

patricio.zapatamor@uanl.edu.mx

Duración: 3 horas

Prerrequisitos: Conocimiento en manejo de comandos de terminal, código bash o Shell script y estar familiarizado con el uso de OS Linux, tener instalado en su PC el software de MD Gromacs 2020

Simulación de Sistemas mediante Dinámica Molecular

Omar González Amezcua

omar.gonzalezmz@uanl.edu.mx

Duración: 1 hora

Prerrequisitos: Haber llevado el curso introductorio a Python.

Análisis de Supervivencia con Regresión de Cox y Kaplan-Meier

Eduardo A. Rebollar Tellez

eduardo.rebollartl@uanl.edu.mx

Duración: 2 horas

Prerrequisitos: Requisitos mínimos: nociones básicas de estadística y uso de programa IBM-SPSS. Descargar con anticipación a versión de prueba del programa SPSS











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Lunes 5 de julio	Martes 6 de julio	Miércoles 7 de julio	Jueves 8 de julio	Viernes 9 de julio
9:00 – 10:50 hrs Introducción a Python	9:00 – 10:50 hrs Introducción a Python	9:00 – 10:50 hrs Introducción a Python	9:00 – 10:50 hrs Introducción a Python	9:00 – 10:50 hrs Introducción a Python
10:50 hrs BREAK	10:50 hrs BREAK	10:50 hrs BREAK	10:50 hrs BREAK	10:50 hrs BREAK
11:10 – 13:00 hrs Introducción a R	11:10 – 13:00 hrs Introducción a R	11:10 – 13:00 hrs Introducción a R	11:10 – 13:00 hrs Introducción a R	11:10 – 13:00 hrs Introducción a R
Lunes 12 de julio	Martes 13 de julio	Miércoles 14 de julio	Jueves 15 de julio	Viernes 16 de julio
9:00 – 10:50 hrs Git y GitHub	9:00 – 10:50 hrs Programación Evolutiva	9:00 – 10:50 hrs Programación Evolutiva	9:00 – 10:50 hrs Programación Evolutiva	9:00 – 10:50 hrs Programación Evolutiva
10:50 hrs BREAK	10:50 hrs BREAK	10:50 hrs BREAK	10:50 hrs BREAK	10:50 hrs BREAK
11:10 – 12:00 hrs Modelos Epidemiológicos	11:10 – 12:00 hrs Modelos Epidemiológicos	11:10 – 12:00 hrs Modelos Epidemiológicos	11:10 – 12:00 hrs Modelos Epidemiológicos	11:10 – 12:00 hrs Modelos Epidemiológicos
12:00 hrs BREAK	12:00 hrs BREAK	12:00 hrs BREAK	12:00 hrs BREAK	12:00 hrs BREAK
12:10 – 13:00 hrs Modelo SIR	12:10 – 13:00 hrs Modelo SIR	12:10 – 13:00 hrs Modelo SIR	12:10 – 13:00 hrs Modelo SIR	12:10 – 13:00 hrs Modelo SIR
Lunes 19 de julio	Martes 20 de julio	Miércoles 21 de julio	Jueves 22 de julio	Viernes 23 de julio
9:00 - 9:50 hrs Ecuaciones Diferenciales	9:00 – 9:50 hrs Ecuaciones Diferenciales	9:00 – 9:50 hrs Ecuaciones Diferenciales	9:00 – 9:50 hrs Ecuaciones Diferenciales	9:00 – 9:50 hrs Análisis Mecánico
9:50 hrs BREAK	9:50 hrs BREAK	9:50 hrs BREAK	9:50 hrs BREAK	9:50 hrs BREAK
10:00 – 10:50 hrs Vocalización Murciélagos	10:00 – 10:50 hrs Modelación Estocástica	10:00 – 10:50 hrs Sistemas Dinámicos	10:00 – 10:50 hrs Sistemas Dinámicos	10:00 – 10:50 hrs Sistemas Dinámicos
10:50 hrs BREAK	10:50 am BREAK	10:50 am BREAK	10:50 am BREAK	10:50 am BREAK
11:10 – 12:00 hrs DNA Walk	11:10 – 12:00 hrs DNA Walk	11:10 – 12:00 hrs DNA Walk	11:10 – 12:00 hrs DNA Walk	11:10 – 12:00 hrs DNA Walk
12:00 hrs BREAK	12:00 hrs BREAK	12:00 hrs BREAK	12:00 hrs BREAK	12:00 hrs BREAK
12:10 – 13:00 hrs Por Anunciar	12:10 – 13:00 hrs Por Anunciar	12:10 – 13:00 hrs Por Anunciar	12:10 – 13:00 hrs Por Anunciar	12:10 – 13:00 hrs Medicina de Precisión
Lunes 26 de julio	Martes 27 de julio	Miércoles 28 de julio	Jueves 29 de julio	Viernes 30 de julio
9:00 – 9:50 hrs Interpolación Espacial	9:00 – 9:50 hrs Interpolación Espacial	9:00 – 9:50 hrs Interpolación Espacial	9:00 – 9:50 hrs Interpolación Espacial	9:00 – 9:50 hrs Interpolación Espacial
9:50 hrs BREAK	9:50 hrs BREAK	9:50 hrs BREAK	9:50 hrs BREAK	9:50 hrs BREAK
10:00 – 10:50 hrs Aleatoriedad	10:00 – 10:50 hrs Aleatoriedad	10:00 – 10:50 hrs Aleatoriedad	10:00 – 13:00 hrs Dinámica Molecular	10:00 – 10:50 hrs Simulación de Sistemas
10:50 am BREAK	10:50 am BREAK	10:50 am BREAK		9:50 hrs BREAK

11:10 am - 13:00 hrs

Números Aleatorios



12:00 hrs

11:10 am - 12:00 hrs

Números Aleatorios

12:10 - 13:00 hrs

Lenguajes de Programación

BREAK



BREAK

11:10 am - 12:00 hrs

Números Aleatorios

12:10 - 13:00 hrs

Lenguajes de Programación

12:00 hrs





11:00 - 13:00 hrs

Análisis de Supervivencia



con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Introducción al Análisis de Datos con Python

Semana 1

Expositor: Joaquín Desiderio López de la Cruz

Duración: 10 horas (lunes 5 a viernes 9 de julio de 9:00 - 10:50 hrs)

Semblanza:

Joaquín nació en Villahermosa, Tabasco, México. Estudiante de octavo semestre de la Licenciatura en Matemáticas por la Universidad Autónoma de Nuevo León. Es coautor del libro 'Cálculo Diferencial', texto dirigido por la Doctora Lilia Alanís López dentro del programa 'Escribe tus libros de texto' en espera de impresión por Área de Divulgación Científica de UANL. Ha tomado seis cursos enfocados a la programación y Análisis de Datos. Creador e instructor del taller 'Introducción a Python' impartido en la FCFM mediante COMEMAT.

Resumen:

En este taller el asistente aprenderá conceptos básicos para la extracción, manipulación, comprensión y análisis estadístico de datos en Python. El asistente será capaz de realizar un análisis de regresión lineal, múltiple y polinomial a bases de datos con Python, así como de implementar pruebas de hipótesis y dibujo de gráficos que le ayuden a tomar decisiones.

Requisitos: Este taller requiere un conocimiento básico de estadística, pero no experiencia previa en programación. Además, se requerirá una cuenta de Google.

Temario:

Conociendo Google COLAB

Conceptos básicos de Python Variables Condicionales

Ciclos

Funciones

Listas

Conceptos básicos del Análisis de Datos con Python

Archivos csv

Dataframes

Análisis de Regresión (lineal, lineal múltiple, polinómica)

ANOVA











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Introducción al Análisis de Datos con R

Semana 1

Expositores: Cynthia Elizabeth Castillo Silva y Julio César Martínez Sánchez

Duración: 10 horas (lunes 5 a viernes 9 de julio de 11:10 – 13:00 hrs)

Semblanza:

Cynthia es estudiante de octavo semestre de la Licenciatura en Matemáticas en la Universidad Autónoma de Nuevo León, donde también hace investigación en bioinformática. Es presidenta de la Comunidad de Estudiantes de Matemáticas, integrante de Bisontech y colaboradora en Científicas Mexicanas. Creadora e instructora del taller 'Introducción a R' impartido en la FCFM mediante COMEMAT.

Julio es estudiante de doctorado en Ciencias con Orientación en Matemáticas en la Universidad Autónoma de Nuevo León. Es maestro en ciencias en Estadística. Ha trabajado en la aplicación de modelos estadísticos de datos provenientes de encuestas, generación de indicadores y comunicación de resultados mediante software open source como R, Python.

Resumen:

En este taller se aprenderán los conceptos básicos para el manejo de datos y su representación gráfica en lenguaje R. El asistente será capaz de analizar y manipular datos en forma simple y tendrá las bases necesarias para explorar paqueterías de funciones más complejas.

Requisitos: Este taller requiere un conocimiento básico de estadística, pero no experiencia previa en programación.

Temario:

Introducción

Instalación e Interfaz

Espacio de trabajo y bibliotecas

Documentación

Tipos de datos

Estructuras de datos

Vectores

Matrices y Arreglos

Dataframes

Listas

Condicionales

Ciclos

Funciones

Lectura y escritura de datos

Transformación de datos con dplyr

Tidy Data con tidyr

Joins

Visualización de datos con ggplot2











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Introducción a git y a GitHub

Semana 2

Expositor: Erasmo Hinojosa Sáenz

Duración: 2 horas (lunes 12 de julio de 9:00 – 10:50 hrs)

Semblanza:

Físico egresado de la UNAM. Amante de la ciencia y entusiasta de la programación.

Resumen:

Actualmente, para realizar cualquier trabajo científico se requiere programación. Los científicos incluso tienen que crear su propio software que ellos y otros usarán en su investigación. Para hacer esto, git y GitHub son herramientas muy importantes. GitHub es una plataforma para guardar proyectos de código en la nube y para colaborar con otros en esos proyectos. Esta plataforma hace uso de git, que es un administrador de versiones usado principalmente para desarrollar código. Este taller presentará una introducción a git y GitHub, mostrando cómo trabajar con código de un repositorio local o remoto, propio o de otra persona, individualmente o en colaboración con otros.

Requisitos: Ninguno.

Temario:

Introducción

¿Qué son git y GitHub?

Diferencias entre GitHub y Google Drive

Registrarse en GitHub

Instalación y configuración de git

Herramientas suplementarias

Repositorios locales y remotos

Clonar un repositorio

Colaboración en software de código abierto











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de <u>la Tierra</u>

Modelos Epidemiológicos: Historia e Implementación

Semana 2

Expositores: Fernando Saldaña Jiménez y Carlos Andrés Rodríguez Avendaño

Duración: 5 horas (lunes 12 a viernes 16 de julio de 11:10 - 12:00 hrs)

Semblanza:

Fernando Saldaña Jiménez es Licenciado en Matemáticas Aplicadas y tiene Maestría en Matemática Educativa, grados obtenidos en la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas de la Universidad Autónoma de Coahuila. Es Catedrático en la Facultad de Ingeniería de la UAdeC. Actualmente culminó el primer semestre del Doctorado en Ciencias con Orientación en Matemáticas en la FCFM de la UANL.

Resumen:

En el taller se presenta el contexto histórico que originó la necesidad de algunos modelos epidemiológicos, enseguida se realiza un análisis de los fundamentos matemáticos de cada modelo presentado, así como una propuesta para programar el modelo.

Requisitos: Haber llevado el curso introductorio a R y nociones básicas de Cálculo.

Temario:

El modelo epidemiológico de Bernoulli por epidemia de viruela

El modelo de P. D. Enko por epidemia de sarampión

El modelo Reed-Frost

Modelos compartimentales













con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Modelo SIR y el análisis de datos epidemiológicos

Semana 2

Expositor/a/es: María Valentina Iréndira Soto Rocha

Duración: 5 horas (lunes 12 a viernes 16 de julio de 12:10 - 13:00 hrs)

Semblanza:

Egresada de la Licenciatura en Matemáticas de la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas de la U.A.N.L. Actualmente estudiante de la Maestría en Ciencias con Orientación en Matemáticas del Centro de Investigación en Ciencias Físico Matemáticas de la F.C.F.M. cuya tesis se encuentra orientada al Análisis de Datos de COVID-19 en México.

Resumen:

El fin del taller es que el asistente sea capaz de realizar análisis de regresión lineal y no lineal, así como comprender y programar un algoritmo evolutivo utilizando R, también se dará una introducción a los modelos compartimentales SIR en donde aplicando las herramientas antes mencionadas se realizará un análisis de datos del COVID-19 utilizando las bases de datos del gobierno de México.

Requisitos: Haber llevado el curso introductorio a R o tener conocimientos básicos de programación.

Temario:

Regresión

Regresión Lineal

Regresión No Lineal

Algoritmo evolutivo

Descripción del algoritmo

Programación del algoritmo

Implementación del algoritmo

Modelo SIR

Descripción del modelo

Análisis de datos COVID-19











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Programación Evolutiva como Herramienta de Búsqueda Exhaustiva Semana 2

Expositor: Michael Francisco Emmanuel González Sánchez

Duración: 8 horas (martes 13 a viernes 16 de julio de 9:00 - 10:50 hrs)

Semblanza:

Michael Francisco Emmanuel González Sánchez, nacido en Monterrey, Nuevo León en el año de 1997 un 4 de octubre, graduado como Ingeniero Geofísico en la Facultad de Ciencias de la Tierra de la UANL con mención honorífica por su distinción en la defensa de tesis titulada "Modelado de inversión 3D de anomalías gravimétricas mediante programación evolutiva y estrategias evolutivas". Ha trabajado con el desarrollo de algoritmos de optimización en el área de gravimetría. Participó como miembro y capitán del equipo representativo de la UANL en el Imperial Barrel Award, una competencia internacional dirigida por la AAPG.

Resumen:

Taller enfocado a los fundamentos y aplicaciones de programación evolutiva, la generación de su algoritmo mediante R para algunos problemas de optimización, y la aplicación en problemas de geofísica en gravimetría y registros de pozo.

Requisitos: Haber llevado el curso introductorio a R.

Temario:

Introducción a Programación Evolutiva Fundamentos Estructura y aplicaciones Generación de rutinas en R Resultados Aplicaciones en gravimetría y registros de pozo













con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Solución Numérica de Ecuaciones Diferenciales en Python

Semana 3

Expositor: Ricardo Miguel Leal López

Duración: 4 horas (lunes 19 a jueves 22 de julio de 9:00 - 9:50 hrs)

Semblanza:

Ricardo es un estudiante de Física en su último semestre que decidió especializarse como físico computacional enfocado al modelado numérico. Comenzó trabajando con la técnica de Dinámica Molecular para la experimentación de sistemas nanoatómicos en el departamento de materiales de la facultad. Decidió estudiar por fuera para conocer más sobre la matemática computacional aplicada. Tiene experiencia en métodos numéricos para resolver ecuaciones diferenciales, métodos estadísticos para simular situaciones con un alto grado de aleatoriedad y métodos de predicción.

Resumen:

Taller dedicado a la explicación de métodos numéricos para la solución numérica de ecuaciones diferenciales ordinarias, parciales y estocásticas. Se enseñarán distintos métodos numéricos y posteriormente se darán ejemplos de ecuaciones diferenciales junto a su aplicación práctica.

Requisitos: Haber llevado el curso introductorio a Python.

Temario:

Métodos numéricos para Ecuaciones Diferenciales Ordinarias Aplicaciones de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias Métodos numéricos para Ecuaciones Diferenciales Parciales Aplicaciones de Ecuaciones Diferenciales Parciales Métodos numéricos para Ecuaciones Diferenciales Estocásticas













con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Aplicación de herramientas de aprendizaje automático en el análisis de vocalizaciones de murciélagos

Semana 3

Expositora: Anna Aura Cruz Luévano

Duración: 1 hora (lunes 19 de julio de 10:00 – 10:50 hrs)

Semblanza:

Bióloga Ambiental por la Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Lerma. Trabajó con murciélagos para su trabajo de titulación en la universidad, la parte que le tocó desarrollar más a fondo, un reto, fue el escribir códigos para el análisis de ultrasonidos que fuesen competentes con otros softwares de carácter comercial. También ha colaborado con la Asociación Científica de La Antigua Guatemala para recabar datos biológicos de zonas de importancia cultural y biológica. Actualmente colabora en proyectos multidisciplinarios de investigación en salud por medio de simulaciones computacionales y análisis matemático.

Resumen:

Este taller tiene como propósito dar a conocer la aplicación de recientes metodologías en el tratamiento de datos biológicos, enfatizando en la necesidad de realizar estudios multidisciplinarios sobre líneas de investigación que anteriormente solo eran estudiadas por una única disciplina. Se hablará brevemente de cómo se obtuvieron los datos y se ahondará en la manera en que fueron curados y analizados para después aplicar métodos de análisis de aprendizaje automático supervisado (random forest, K-vecinos, máquinas de soporte vectorial, regresión logística), permitiendo agrupar especies por medio de los datos sonoros.

Requisitos: Haber llevado el curso introductorio a Python, nociones de biología e inteligencia artificial.

Temario:

Murciélagos como población de estudio

Características de los murciélagos

Importancia de los murciélagos en los ecosistemas

Metodología

Obtención de datos biológicos sonoros

Redacción de scripts para curar y analizar datos

Aplicación de herramientas de aprendizaje automático supervisado

Resultados y conclusiones

Preguntas











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

DNA Walk

Semana 3

Expositor: Rodrigo Rodríguez Gutiérrez

Duración: 5 horas (lunes 19 a viernes 23 de julio de 11:10 - 12:00 hrs)

Semblanza:

Rodrigo es Químico Bacteriólogo Parasitólogo de la Facultad de Ciencias Biológicas, Licenciado en Física de la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas ambas en la Universidad Autónoma de Nuevo León. Maestría en Ciencias (Física) de la Universidad Autónoma de San Luís Potosí, postulante al Doctorado en Ciencias con Orientación en Matemáticas de la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas en la UANL.

Resumen:

El objetivo del taller es el de dar a conocer a la caminata de ADN como una herramienta importante en el análisis filogenético. La importancia de este tipo de herramientas reside en que tienen el potencial de estudiar especies que estén distanciadas desde el punto de vista evolutivo y ofrecen la oportunidad de obtener resultados cuantitativos para el estudio de la filogenia.

Requisitos: Bases de estadística y cálculo, conocimiento general básico de biología y bioquímica.

Temario:

Caminata aleatoria y aplicaciones
Características del ADN
ADN mitocondrial y análisis filogenético
Aplicación de la caminata aleatoria al ADN
Introducción a la transformada de wavelet y el análisis espectral aplicadas al ADN
Estructura de las proteínas y breve análisis del método PAM (Accepted Point Mutation).













con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Modelación Estocástica

Semana 3

Expositor: Francisco Javier Almaguer Martínez

Duración: 1 hora (martes 20 de julio de 10:00 - 10:50 hrs)

Semblanza:

Licenciatura en Física en la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas, Universidad Autónoma de Nuevo León. Doctorado en Ciencias (Física) en la Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Profesor de Física y Matemáticas en la Facultad de Ciencias y de Biología de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Actualmente es profesor en la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas en la Universidad Autónoma de Nuevo León.

Resumen:

En la charla se presentan algunos conceptos básicos de la teoría de procesos aleatorios, necesarios para abordar el problema más general de la utilidad de la modelación estocástica en el análisis de datos. Estos conceptos incluyen las nociones de experimento aleatorio, espacio muestral, medida de probabilidad, espacio de probabilidad, variable aleatoria, proceso estocástico, funciones de probabilidad, valores esperados y funciones de correlación, entre otros. Como ejemplo de aplicación de la teoría se muestran algunos esbozos del análisis de tres sistemas con propiedades aleatorias subyacentes: las variaciones en el índice de precios y cotizaciones (el IPC mexicano), el problema de la distribución de saltos entre números primos sucesivos y la distribución de raíces reales en polinomios aleatorios.

Requisitos: Nociones básicas de probabilidad. Deseable un poco de álgebra.

Temario:

Experimento aleatorio
Espacio muestral
Medida de probabilidad
Espacio de probabilidad
Variable aleatoria
Función de densidad de probabilidad
Función de distribución
Valor esperado
Varianza
Función de correlación

VOLVER AL CALENDARIO



Proceso estocástico









con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Modelación de Sistemas Dinámicos

Semana 3

Expositor: Francisco Hernández Cabrera

Duración: 3 horas (miércoles 21 a viernes 23 de julio de 10:00 - 10:50 hrs)

Semblanza:

Lic. en Física, Doctorado en Ciencias Biomédicas, Posdoctorado en Bioinformática y análisis de datos biomédicos en CIMAT. Profesor-Investigador de la FCFM, SNI nivel I y perfil PRODEP. Sus líneas de investigación se orientan al estudio transdisciplinar de fenómenos complejos como la Medicina de Precisión, Modelación Matemática y Biofísica, considerando leyes generales de los sistemas dinámicos distribuidos. Estas líneas de investigación involucran herramientas de cálculo fraccional, fractalidad, análisis topológico de datos, análisis multivariado en alta dimensionalidad, análisis de series de tiempo, machine learning, bases de datos certificadas y métricas evolutivas que relacionan el genotipo-fenotipo molecular e información genómica personalizada.

Resumen:

En este taller se abordará la teoría para la modelación de sistemas dinámicos clásicos (depredador-presa, competencia, cooperación) y se realizarán ejemplos en lenguaje R. Esta modelación es utilizada para comprender y cuantificar los cambios de especies que pueden existir en un ecosistema cerrado, en condiciones de equilibrio o bien cuando algunas especies no logran el equilibrio. El objetivo del taller es introducir a los participantes a la modelación matemática de sistemas dinámicos por medio de ecuaciones diferenciales.

Requisitos: Cálculo diferencial, nociones de ecuaciones diferenciales, haber llevado el curso introductorio a R, matrices.

Temario:

Los sistemas complejos Modelación de sistemas complejos Modelo Lotka-Volterra Modelo depredador-presa Modelo de Competencia Modelo de Cooperación











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Análisis Mecánico de una Burbuja y el Estrés Estudiantil

Semana 3

Expositor: Miguel de Jesús Román Narváez

Duración: 1 hora (viernes 23 de julio de 9:00 - 9:50 hrs)

Semblanza:

Estudiante de 5to semestre de la Licenciatura en Física de la UANL.

Resumen:

En esta plática, se hace un análisis exhaustivo de las propiedades mecánicas y geométricas de una burbuja, con enfoque en el balance de las fuerzas que actúan sobre su superficie como característica obvia y determinante de la existencia de la burbuja para hacer analogía al estrés en estudiantes universitarios, y el balance entre la vida personal y la vida académica.

Requisitos: Ninguno.

Temario:

Propiedades geométricas de una esfera hueca Balance de fuerzas Variación de parámetros Propiedades geométricas II Dinámica superficial de la burbuja Estabilidad de la burbuja Cuando la burbuja se rompe













con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Medicina de Precisión

Semana 3

Expositor: Francisco Hernández Cabrera

Duración: 1 hora (viernes 23 de julio de 12:10 - 13:00 hrs)

Semblanza:

Lic. en Física, Doctorado en Ciencias Biomédicas, Posdoctorado en Bioinformática y análisis de datos biomédicos en CIMAT. Profesor-Investigador de la FCFM, SNI nivel I y perfil PRODEP. Sus líneas de investigación se orientan al estudio transdisciplinar de fenómenos complejos como la Medicina de Precisión, Modelación Matemática y Biofísica, considerando leyes generales de los sistemas dinámicos distribuidos. Estas líneas de investigación involucran herramientas de cálculo fraccional, fractalidad, análisis topológico de datos, análisis multivariado en alta dimensionalidad, análisis de series de tiempo, machine learning, bases de datos certificadas y métricas evolutivas que relacionan el genotipo-fenotipo molecular e información genómica personalizada.

Resumen:

En esta plática se verá la importancia de comprender las interacciones farmacogenómicas para evaluar la respuesta terapéutica y efectos adversos de fármacos en forma personalizada.

Requisitos: Ninguno.











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Método de Kriging para Interpolación Espacial

Semana 4

Expositor: Aldo Arvey Marín Olvera

Duración: 5 horas (lunes 26 a viernes 30 de julio de 9:00 - 9:50 hrs)

Semblanza:

Mi nombre es Aldo Arvey, soy estudiante de último año en Física, en la UANL. Actualmente estoy trabajando junto al Dr. Francisco Almaguer en interpolación de datos de lluvia a través de estaciones pluviales en los estados de Nuevo León, Coahuila y Tamaulipas.

Resumen:

En este taller será práctico, donde se dará una introducción a la geoestadística, las herramientas matemáticas utilizadas y el modelo de interpolación de datos Kriging, se les proporcionara una base de datos, donde los participantes utilizarán lo aprendido para interpolar los datos y hacer uso de Kriging.

Requisitos: Haber llevado el curso introductorio a Python.

Temario:

Introducción a la Geoestadística y Kriging Manejo de datos Semivariograma Método Kriging Exposición de resultados











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

¿Qué es la aleatoriedad?

Semana 4

Expositor: Homero Enrique de la Fuente García

Duración: 3 horas (lunes 26 a miércoles 28 de julio de 10:00 - 10:50 hrs)

Semblanza:

Licenciatura en Matemáticas en la FCFM de la UANL. Maestría en Ingeniería Física Industrial en el Posgrado de la FCFM de la UANL. Actualmente desempeñándose como profesor de Licenciatura por parte de la Academia de Matemáticas de la FCFM. Actualmente también como pasante en el Doctorado en Ingeniería Física Industrial en el Posgrado de la FCFM de la UANL. Intereses personales: Física Teórica, Matemáticas puras, Teoría de la Computación y sus límites. Línea de investigación actual: Matemática aplicada a la Elasticidad no-lineal, Plasticidad y Fenómenos de Fractura. Terminando un artículo sobre el estudio de grietas en el concreto mediante ciertas técnicas matemáticas que permitan reproducir conocidos resultados en la literatura, así como nuevos resultados (trabajo en progreso).

Resumen:

¿Existen los eventos verdaderamente aleatorios en la Naturaleza o al menos en las Matemáticas? ¿A qué nos referimos con *verdaderamente aleatorios* en la pregunta anterior? Asumiendo la hipótesis de aleatoriedad, ¿cómo podemos distinguir entre un proceso aleatorio del que no lo es? En una primera instancia, ¿es posible distinguir entre un proceso aleatorio del que no lo es? Abordaremos las consecuencias de los cuestionamientos anteriores en el ámbito práctico de la simulación de procesos aleatorios por máquinas deterministas (computadoras clásicas). La generación de "*verdaderos números aleatorios*" es fundamental para simular procesos aleatorios y la mayoría de las veces lo que se genera son números pseudoaleatorios. Finalmente analizaremos la conexión del concepto matemático de aleatoriedad con los Teoremas de Incompletitud de Gödel. ¿Es teóricamente posible obtener para todo proceso suficiente información que nos permita decidir con absoluta certeza si el proceso es fundamentalmente aleatorio?

Requisitos: Nociones de estadística.











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Generación de Números Aleatorios con Distribución no Uniforme Semana 4

Expositor: Roberto Soto Villalobos

Duración: 4 horas (lunes 26 y martes 27 de 11:10 – 12:00 hrs, miércoles 28 de julio de 11:10 – 13:00 hrs)

Semblanza:

Roberto es profesor de tiempo completo en la Facultad de Ciencias de la Tierra desde 1997, es egresado de la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas. Ha colaborado en diferentes proyectos en el área de Matemáticas Aplicadas, Programación, y solución de problemas Inversos mediante Heurísticas. Ha participado en la publicación de diferentes artículos científicos. Ha sido director de Tesis de licenciatura. Actualmente se encuentra realizando investigación sobre análisis de lluvias en el área metropolitana de Monterrey.

Resumen:

La generación de números aleatorios es importante en la simulación, en este taller trabajaremos con los conceptos básicos de probabilidad, Implementaremos en el lenguaje R la generación de números aleatorios con distribuciones no uniformes y resolveremos algunos problemas básicos.

Requisitos: Haber llevado el curso introductorio a R. Contar con una computadora para realizar los ejercicios del taller. Contar con conocimientos elementales de la teoría de Probabilidad: probabilidad clásica, funciones de distribución, funciones de probabilidad, álgebra elemental, derivadas e integrales elementales.

Temario:

Introducción a generación de números aleatorios en R Distribuciones no uniformes Generación de números aleatorios con distribución no uniforme Aplicaciones













con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Lenguajes de Programación

Semana 4

Expositor: Erasmo Hinojosa Sáenz

Duración: 2 horas (lunes 26 y martes 27 de julio de 12:10 - 13:00 hrs)

Semblanza:

Físico egresado de la UNAM. Amante de la ciencia y entusiasta de la programación.

La programación tiene una cantidad inagotable de aplicación, por lo que se vuelve una poderosa herramienta para cualquier profesionista. Lamentablemente, existe una abrumadora cantidad de lenguajes de programación que es difícil decidir cuál aprender primero. En esta plática se presenta un análisis de algunos lenguajes de programación, haciendo énfasis en las ventajas y usos principales de cada uno. Finalmente, se invita a quienes tengan un poco de experiencia en cómputo científico a aprender Julia. Esto se hace mostrando que Julia es muy similar a cualquier otro lenguaje de alto nivel, así como sus principales diferencias de sintaxis con Octave, Python y R.

Requisitos: Ninguno.

Temario:

Análisis de lenguajes Tipos de lenguajes Paradigmas de programación Ventajas de distintos lenguajes Comparación de estos lenguajes

Julia

Comandos básicos Diferencias con Octave, Python y R Recursos oficiales de los lenguajes













con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Dinámica Molecular de biomoléculas (Coarse-grained)

Semana 4

Expositor: Patricio Adrián Zapata Morín

Duración: 3 horas (jueves 29 de julio de 10:00 - 13:00 hrs)

Semblanza:

Graduado de Licenciatura en Biotecnología Genómica (UANL FCB). Maestría y Doctorado en Ingeniería y Física Biomédica del CINVESTAV unidad Monterrey. Parte importante de su desarrollo en el posgrado fue la implementación de lógica de programación orientado a temas de investigación de áreas multidisciplinarias. Dinámica Molecular, rutinas automatizadas, implementación de Inteligencia artificial, análisis y depuración de datos masivos, entre otros, son parte de los temas que estuvo abordando durante su posgrado. Los últimos 5 años se ha desempeñado como Docente/Investigador de la FCB UANL, lo que le ha dado la oportunidad de madurar múltiples proyectos relacionados con el uso de rutinas de ciencias de datos y Dinámica Molecular.

Resumen:

La Dinámica molecular (MD) se logra al resolver la ecuación de movimiento de Newton para un sistema de N átomos interactuando entre sí $(m_i \frac{\partial^2 r_i}{\partial^2 t^2} = F, i = 1 \dots N)$, la ecuación se resuelve simultáneamente en pequeños pasos, a cada uno de estos intervalos de tiempo se le acopla la presión y la temperatura que se mantienen en valores constantes. Gromacs es uno de los paquetes de dinámica molecular mayormente empleado para realizar la MD, esto gracias a la gran variedad de análisis que éste puede realizar. Por ejemplo, este puede modelar la evolución en tiempo real de una proteína en un medio acuoso (agua) en escalas de nano, micro o milisegundos, resolviendo las ecuaciones del sistema en ordenes de 1 a 10 femtosegundos. La dinámica de esta biomolécula estará determinada de manera directa por el número, tipo y naturaleza de los aminoácidos que la compongan, los cuales resultaran eventualmente en un punto de equilibrio donde todas las posiciones atómicas encontraran su estado de mínima energía. Esto se hace tomando en cuenta aspectos como el potencial que tenga el sistema, al igual que las interacciones electrostáticas de largo (Coulomb) y corto alcance (Lennard-Jones) entre otros.

En este taller emplearemos la estrategia de MD coarse-grained para analizar diversos patrones de interés en términos de estabilidad de una proteína, lo anterior con la finalidad de familiarizar al usuario con la herramienta de gromacs al igual que con las subrutinas que ya vienen implementadas en el paquete de MD para interpretar los resultados de la dinámica.

Requisitos: Conocimiento en manejo de comandos de terminal, código bash o Shell script y estar familiarizado con el uso de OS Linux, tener instalado en su PC el software de MD Gromacs 2020: [Link]

Temario:

Introducción a la Dinámica Molecular Gromac (MD) All-atom vs coarse grain MD Taller práctico CG MD de una proteína











con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Simulación de Sistemas mediante Dinámica Molecular

Semana 4

Expositor: Omar González Amezcua

Duración: 1 hora (viernes 30 de julio de 10:00 hrs a 10:50 hrs)

Semblanza:

Omar González Amezcua es profesor de Tiempo Completo en la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas en la Universidad Autónoma De Nuevo León. Licenciado en Física por la Universidad de Guadalajara, con estudios de Maestría y Doctorado realizados en el CINVESTAV. Cuenta con dos estancias de investigación, una en la UNAM y otra en POSTECH. Sus líneas de investigación se desarrollan en tópicos relacionados con Sistemas Complejos, por ejemplo: teoría y simulación de sistema muti-compontes (polímeros, moléculas y membranas), teoría de coloides, y estudio de sistemas estocásticos.

Resumen:

Estudiar las ideas principales para entender el fundamento de la simulación por el método de Dinámica Molecular. Se establecerán las bases teóricas del proceso de simulación y se estudiarán algunos ejemplos de sistemas físicos.

Requisitos: Haber asistido al curso introductorio a Python. Nociones de dinámica y cálculo.

Temario:

Principios de Dinámica Tercera Ley de Newton Serie de Taylor Sistema de iteración Ejemplos













con aplicaciones en Epidemiología, Bioinformática, Biología y Ciencias de la Tierra

Análisis de Supervivencia con Regresión de Cox y Kaplan-Meier

Expositor: Eduardo A. Rebollar Téllez

Duración: 2 horas (viernes 30 de julio de 11:00 - 13:00 hrs)

Semblanza:

Biólogo (UANL), Maestría en Ciencias especialidad entomología Médica (UANL), doctorado (PhD) Keele University (Staffordshire, UK). Adscripción: Laboratorio de Entomología Médica, Departamento de Zoología de Invertebrados FCB/UANL. Nombramiento: Profesor titular "B". Academia Mexicana de Ciencias, SNI nivel 2, perfil PRODEP.

Resumen:

El curso-taller sobre análisis de la supervivencia usando los modelos de Kaplan-Meier y la Regresión de riesgo de Cox está enfocado a los interesados en aprender y comprender estas importantes herramientas análisis estadístico. Los análisis de riesgo son útiles en diversos campos de investigación clínica, epidemiológica, en biología, en actuaria e incluso en la industria. El objetivo de este minicurso-taller es el de revisar los componentes y definición de los modelos, así como ver el desarrollo en IBM-SPSS de un ejemplo para analizar e interpretar los resultados. Otro objetivo es que los participantes desarrollen el análisis de datos y revisar sus resultados. Este curso-taller está enfocado a complementar las herramientas de análisis en el contexto de epidemiologia.

Requisitos: Requisitos mínimos: nociones básicas de estadística y uso de programa IBM-SPSS. Descargar con anticipación a versión de prueba del programa SPSS en: [Link]

Temario:

Modelo de Kaplan-Meier
Ejemplo
Ejercicio con datos proporcionados
Regresión de riesgo de Cox
Ejemplo
Eiercicio con datos proporcionados







