

Dr. Israel Aguilar

Biólogo Computacional y Bioinformático con amplia experiencia en Genómica humana, microbiología, y biología molecular. Experto en análisis de datos masivos para la era genómica.

[LinkedIn](#)

[ORCID](#)

[ResearchGate](#)

[GitHub](#)

[Scholar](#)

iaquilaror@gmail.com | Ciudad de México

Doctorado en Ciencias Bioquímicas - 2023

Instituto de Biotecnología - UNAM

Proyecto de Investigación: *Whole-genome characterization in 100 Native Mexican individuals: demographic insights and variants of biomedical interest*

Maestría en Ciencias Bioquímicas - 2015

Instituto de Biotecnología - UNAM

Proyecto de Investigación: *Design of new RNA enrichment methods for Transcription Starting Sites detection in Escherichia coli through NGS technologies*

Licenciatura en Biomedicina - 2011

Instituto de Microbiología - Benemérita Universidad Autónoma de Puebla

Como Mentor

- Tutor de 6 tesis de licenciatura

Como Profesor

- Introducción a Linux (Anual @INMEGEN)
- Introducción a R (Anual @INMEGEN)
- Introducción al análisis Single Cell (Anual @INMEGEN)

Publicaciones

Swain, Jitendriya, et al. "[Reorganization of F-actin nanostructures is required for the late phases of SARS-CoV-2 replication in pulmonary cells.](#)" *bioRxiv* (2022).

Aguilar-Ordoñez, Israel, et al. "[A Tale of Native American Whole-Genome Sequencing and Other Technologies.](#)" *Diversity* 14.8 (2022): 647.

Aguilar-Ordoñez, Israel, et al. "[Whole genome variation in 27 Mexican indigenous populations. demographic and biomedical insights.](#)" *PloS one* 16.4 (2021): e0249773.

Eagles, Nicholas J., et al. "[SPEAQeasy: a Scalable Pipeline for Expression Analysis and Quantification for R/Bioconductor-powered RNA-seq analyses.](#)" *BMC bioinformatics* 22.1 (2021): 1-18.

Flores-Torres, Mariana, et al. "[ExtendAlign: the post-analysis tool to correct and improve the alignment of dissimilar short sequences.](#)" *bioRxiv* (2019): 475707.

Huerta, Jesús Manuel, et al. "[The role of the ncRNA RgsA in the oxidative stress response and biofilm formation in Azotobacter vinelandii.](#)" *Current microbiology* 72.6 (2016): 671-679.

Skills Principales

- Programación avanzada (R & Bash)
- Desarrollo de pipelines **Nextflow**
- Alta reproducibilidad con **git** & **Gitflow** + **docker**
- python** básico
- Conocimiento avanzado** de software en genómica
- Manejo de **Hardware de supercómputo**
- Linux **SysAdmin**

Distinciones

Becas conacyt para Maestría (2011), y Doctorado (2018). Jóvenes Investigadores BUAP (2008, 2009)

Experiencia Laboral

Jefe de Departamento de Supercómputo - 4 años (2020 - 2023)

@ Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) - Mexico

- A cargo de la administración y mantenimiento de sistemas de cómputo bioinformático; **analista de datos para proyectos institucionales clave**

Encargado de la Subdirección de Bioinformática - 1 año (2020)

@ Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) - Mexico

- Guía del diseño y despliegue de pipelines para las necesidades institucionales.**; a cargo de la promoción de **buenas prácticas en bioinformática**. Team leader. Project design / grant writing

Jefe de Bioinformática - 1 año (2018 - 2019) @ Winter Genomics

Skills para la comunicación de la Ciencia

- YouTube Channel: [BioFreelancer](#)
- Data Storytelling
- Tutoriales de Programación
- Manejo de Adobe Photoshop, Adobe Illustrator; Gimp, Inkscape, Camtasia

Referencias:

Dr. Enrique Morett, PI @ UNAM
enrique.morett@ibt.unam.mx