**ELEMENTOS QUE DEBE DE INCLUIR EL PROYECTO**

**Encabezado**: Incluye el nombre de la institución o departamento al que se dirige el documento, así como la fecha de emisión y el asunto de la solicitud.

**Introducción**: Explica el propósito del documento y proporciona una breve descripción del proyecto de investigación relacionado con el procesamiento de información genética.

**Objetivos**: Detalla los objetivos específicos del proyecto de investigación y cómo el acceso a los servidores de cómputo científico ayudará a alcanzar esos objetivos.

**Justificación**: Explica la importancia del procesamiento de información genética y cómo el uso de los servidores de cómputo científico en R y Python facilitará el análisis y la interpretación de los datos.

**Descripción del proyecto**: Proporciona una visión general del proyecto de investigación, incluyendo el contexto científico, los métodos y las técnicas utilizadas en el análisis de información genética.

**Recursos necesarios**: Enumera los recursos específicos que se requieren para llevar a cabo el proyecto, destacando la necesidad de acceso a servidores de cómputo científico en R y Python.

**Duración del acceso**: Establece el período de tiempo durante el cual se solicita acceso a los servidores de cómputo científico. Puede ser un rango de fechas específico o una duración indefinida según las necesidades del proyecto.

**Responsabilidades**: Describe las responsabilidades del solicitante en términos de la utilización adecuada de los servidores, la seguridad de los datos y el respeto de las políticas y regulaciones institucionales.

**Plan de uso**: Presenta un plan detallado sobre cómo se utilizarán los servidores de cómputo científico en R y Python para el procesamiento de información genética. Incluye detalles sobre los algoritmos, software y herramientas que se utilizarán, así como las necesidades de almacenamiento y capacidad de procesamiento.

**Beneficios y resultados esperados**: Explica los beneficios científicos y académicos que se esperan obtener del proyecto, así como los posibles resultados o contribuciones a la comunidad científica.

**Referencias**: Incluye una lista de referencias bibliográficas o fuentes citadas que respalden la importancia y viabilidad del proyecto.

**Firma y datos de contacto**: El documento debe estar firmado por el solicitante y debe incluir la información de contacto, como el nombre completo, la afiliación institucional, el correo electrónico y el número de teléfono.

[Dra]

[Profesor Investigador de Tiempo Completo]

[07 de junio de 2023]

**Coordinación de Informática y Telecomunicaciones**

**Universidad Autónoma de la Ciudad de México**

**Ciudad de México, México**

Asunto: Solicitud de acceso a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para procesamiento de información genética

Estimado(a) [Nombre del coordinador o coordinadora]:

Es un placer dirigirme a usted en nombre del M. en C. Carlos Ernesto Martínez Rodríguez, de la Academia de Matemáticas, y la Dra. Elisa Azuara Liceaga, del Posgrado en Ciencias Genómicas, con el fin de presentar una solicitud para acceder a los servidores de cómputo científico del área de Informática y Telecomunicaciones de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Introducción:

En el marco de nuestro proyecto de investigación en el campo de la genómica, nos encontramos actualmente desarrollando un estudio enfocado en el análisis y procesamiento de información genética. Nuestro objetivo principal es investigar las relaciones genéticas y las variantes asociadas a enfermedades hereditarias en una población específica. Para alcanzar este objetivo, es imprescindible contar con acceso a recursos computacionales de alto rendimiento.

Justificación:

El análisis de información genética requiere de técnicas y herramientas especializadas que demandan una gran capacidad de procesamiento. Dado el tamaño y la complejidad de los datos genómicos, resulta necesario utilizar lenguajes de programación como R y Python, ampliamente reconocidos en la comunidad científica para el análisis estadístico y el procesamiento de datos biomédicos. El acceso a los servidores de cómputo científico de su institución nos permitiría realizar análisis avanzados y obtener resultados más precisos en nuestro estudio.

Descripción del proyecto:

Nuestro proyecto de investigación se centra en analizar una muestra de individuos de una población determinada con el objetivo de identificar variantes genéticas asociadas a enfermedades hereditarias comunes en dicha población. Para ello, utilizaremos herramientas de análisis bioinformático, algoritmos de aprendizaje automático y técnicas de minería de datos. Los servidores de cómputo científico nos proporcionarían la capacidad de procesamiento necesaria para realizar cálculos computacionales intensivos y realizar un análisis detallado de los datos genéticos.

Recursos necesarios:

Solicitamos acceso a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México, con el fin de utilizar el entorno de programación R y Python para el procesamiento de información genética. Además, requerimos un almacenamiento adecuado para la manipulación y almacenamiento seguro de los datos genómicos durante el transcurso de nuestro proyecto.

Duración del acceso:

Nuestra solicitud abarcaría un período de [especificar la duración], con la posibilidad de extender el acceso en función de las necesidades del proyecto y la disponibilidad de los recursos.

Responsabilidades:

Como solicitantes, nos comprometemos a utilizar los servidores de cómputo científico de manera responsable y de acuerdo con las políticas y regulaciones establecidas por la universidad. Garantizamos la confidencialidad y seguridad de los datos genómicos y nos comprometemos a cumplir con todas las normativas y procedimientos establecidos en materia de protección de datos y privacidad.

Plan de uso:

Presentamos un plan detallado de cómo utilizaremos los servidores de cómputo científico para el procesamiento de información genética. Este plan incluye la ejecución de algoritmos de análisis estadístico, la implementación de técnicas de aprendizaje automático y la visualización de resultados mediante herramientas gráficas. Además, nos comprometemos a documentar y compartir los métodos y los resultados obtenidos como parte de nuestra contribución a la comunidad científica.

Beneficios y resultados esperados:

Esperamos que nuestro proyecto genere resultados significativos en el campo de la genómica y contribuya al avance del conocimiento científico en el ámbito de las enfermedades hereditarias. Los resultados obtenidos podrían tener implicaciones importantes en el diagnóstico y tratamiento de enfermedades genéticas en la población estudiada. Asimismo, estamos dispuestos a colaborar activamente con la comunidad académica y a compartir los resultados de nuestra investigación a través de publicaciones y presentaciones en conferencias científicas.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

[M. en C. Carlos Ernesto Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

User

Modifica el texto anterior incorporando la información de que el organismo a estudiar es E Histiolytica, así como procesar archivos generados por el instituto de ciencias genomicas de la UNAM

ChatGPT

2 / 2

[Nombre del solicitante]

[Posición o afiliación institucional]

[Fecha]

Coordinación de Informática y Telecomunicaciones

Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Ciudad de México, México

Asunto: Solicitud de acceso a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para procesamiento de información genética de E. histolytica

Estimado(a) [Nombre del coordinador o coordinadora]:

Es un placer dirigirme a usted en nombre del M. en C. Carlos Ernesto Martínez Rodríguez, de la Academia de Matemáticas, y la Dra. Elisa Azuara Liceaga, del Posgrado en Ciencias Genómicas, con el fin de presentar una solicitud para acceder a los servidores de cómputo científico del área de Informática y Telecomunicaciones de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Introducción:

En el marco de nuestro proyecto de investigación en el campo de la genómica, nos encontramos desarrollando un estudio enfocado en el análisis y procesamiento de información genética de E. histolytica, un organismo de importancia médica. Nuestro objetivo principal es investigar las características genéticas y las variantes asociadas a la virulencia y resistencia de E. histolytica en una población específica. Para alcanzar este objetivo, es fundamental contar con acceso a recursos computacionales de alto rendimiento.

Justificación:

El análisis de información genética de E. histolytica es crucial para comprender los mecanismos moleculares que determinan su patogenicidad y respuesta a diferentes condiciones ambientales. El procesamiento de los archivos generados por el Instituto de Ciencias Genómicas de la UNAM, que contienen secuencias genéticas de E. histolytica, requiere de un entorno de cómputo científico potente y eficiente. El acceso a los servidores de cómputo científico de su institución nos permitiría realizar análisis avanzados y obtener resultados más precisos en nuestro estudio.

Descripción del proyecto:

Nuestro proyecto de investigación tiene como objetivo principal analizar las secuencias genéticas de E. histolytica para identificar variantes asociadas a la virulencia y resistencia del organismo en una población determinada. Para ello, utilizaremos herramientas bioinformáticas especializadas, algoritmos de análisis estadístico y técnicas de aprendizaje automático. Los servidores de cómputo científico nos proporcionarían la capacidad de procesamiento necesaria para llevar a cabo cálculos computacionales intensivos y realizar un análisis detallado de los datos genéticos de E. histolytica.

Recursos necesarios:

Solicitamos acceso a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México, con el fin de utilizar el entorno de programación R y Python para el procesamiento de información genética de E. histolytica. Además, requerimos un almacenamiento adecuado para la manipulación y almacenamiento seguro de los archivos generados por el Instituto de Ciencias Genómicas de la UNAM durante el transcurso de nuestro proyecto.

Duración del acceso:

Nuestra solicitud abarcaría un período de [especificar la duración], con la posibilidad de extender el acceso en función de las necesidades del proyecto y la disponibilidad de los recursos.

Responsabilidades:

Como solicitantes, nos comprometemos a utilizar los servidores de cómputo científico de manera responsable y de acuerdo con las políticas y regulaciones establecidas por la universidad. Garantizamos la confidencialidad y seguridad de los datos genéticos de E. histolytica y nos comprometemos a cumplir con todas las normativas y procedimientos establecidos en materia de protección de datos y privacidad.

Plan de uso:

Presentamos un plan detallado de cómo utilizaremos los servidores de cómputo científico para el procesamiento de información genética de E. histolytica. Este plan incluye la ejecución de algoritmos de análisis estadístico, la implementación de técnicas de aprendizaje automático y la visualización de resultados mediante herramientas gráficas. Además, nos comprometemos a documentar y compartir los métodos y los resultados obtenidos como parte de nuestra contribución a la comunidad científica.

Beneficios y resultados esperados:

Esperamos que nuestro proyecto genere resultados significativos en el campo de la genómica de E. histolytica y contribuya al avance del conocimiento científico en el ámbito de la patogenicidad y resistencia de este organismo. Los resultados obtenidos podrían tener implicaciones importantes en el desarrollo de estrategias de prevención y tratamiento de las enfermedades asociadas a E. histolytica. Asimismo, estamos dispuestos a colaborar activamente con la comunidad académica y a compartir los resultados de nuestra investigación a través de publicaciones y presentaciones en conferencias científicas.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

[M. en C. Carlos Ernesto Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

Dra. Elisa Azuara Liceaga

Posgrado en Ciencias Genómicas

elisa.azuara@uacm.edu.mx

M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez

Academia de Matemáticas

carlos.martinez@uacm.edu.mx

A 07 de junio de 2023

**Coordinación de Informática y Telecomunicaciones**

**Universidad Autónoma de la Ciudad de México**

**Ciudad de México, México**

**Asunto:** Solicitud de acceso a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para procesamiento de información genética de E. histolytica

Estimado(a) [Nombre del coordinador o coordinadora]:

Es un placer dirigirnos a usted en calidad de Dra. Elisa Azuara Liceaga, del Posgrado en Ciencias Genómicas, y M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez, de la Academia de Matemáticas, con el propósito de presentar una solicitud para acceder a los servidores de cómputo científico del área de Informática y Telecomunicaciones de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Introducción:

En el contexto de nuestro proyecto de investigación en el ámbito de la genómica, nos encontramos desarrollando un estudio centrado en el análisis y procesamiento de información genética de E. histolytica, un organismo de relevancia médica. Nuestro objetivo principal es investigar las características genéticas y las variantes asociadas a la virulencia y resistencia de E. histolytica en una población específica. Para alcanzar dicho objetivo, resulta fundamental contar con acceso a recursos computacionales de alto rendimiento.

Justificación:

El análisis de información genética de E. histolytica reviste una importancia crucial para comprender los mecanismos moleculares que determinan su patogenicidad y respuesta ante diferentes condiciones ambientales. El procesamiento de los archivos generados por el Instituto de Ciencias Genómicas de la UNAM, los cuales contienen secuencias genéticas de E. histolytica, demanda un entorno de cómputo científico potente y eficiente. El acceso a los servidores de cómputo científico de su institución nos permitiría llevar a cabo análisis avanzados y obtener resultados más precisos en nuestro estudio.

Descripción del proyecto:

Nuestro proyecto de investigación tiene como objetivo principal analizar las secuencias genéticas de E. histolytica para identificar variantes asociadas a la virulencia y resistencia del organismo en una población determinada. Para ello, haremos uso de herramientas bioinformáticas especializadas, algoritmos de análisis estadístico y técnicas de aprendizaje automático. Los servidores de cómputo científico nos brindarían la capacidad de procesamiento necesaria para realizar cálculos computacionales intensivos y llevar a cabo un análisis detallado de los datos genéticos de E. histolytica.

Recursos necesarios:

Solicitamos acceso a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México con el fin de utilizar el entorno de programación R y Python para el procesamiento de información genética de E. histolytica. Asimismo, requerimos de un almacenamiento adecuado para la manipulación y resguardo seguro de los archivos generados por el Instituto de Ciencias Genómicas de la UNAM durante el transcurso de nuestro proyecto.

Duración del acceso:

Nuestra solicitud abarcaría un período de [especificar la duración], con la posibilidad de extender el acceso en función de las necesidades del proyecto y la disponibilidad de los recursos.

Responsabilidades:

Como solicitantes, nos comprometemos a utilizar los servidores de cómputo científico de manera responsable y acorde a las políticas y regulaciones establecidas por la universidad. Garantizamos la confidencialidad y seguridad de los datos genéticos de E. histolytica y nos comprometemos a cumplir con todas las normativas y procedimientos en materia de protección de datos y privacidad.

Plan de uso:

Presentamos un plan detallado sobre cómo utilizaremos los servidores de cómputo científico para el procesamiento de información genética de E. histolytica. Dicho plan incluye la ejecución de algoritmos de análisis estadístico, la implementación de técnicas de aprendizaje automático y la visualización de resultados mediante herramientas gráficas. Además, nos comprometemos a documentar y compartir los métodos y los resultados obtenidos como parte de nuestra contribución a la comunidad científica.

Beneficios y resultados esperados:

Esperamos que nuestro proyecto genere resultados significativos en el campo de la genómica de E. histolytica y contribuya al avance del conocimiento científico en lo referente a la patogenicidad y resistencia de este organismo. Los resultados obtenidos podrían tener implicaciones importantes en el desarrollo de estrategias de prevención y tratamiento de las enfermedades asociadas a E. histolytica. Asimismo, nos encontramos dispuestos a colaborar activamente con la comunidad académica y a compartir los resultados de nuestra investigación mediante publicaciones y presentaciones en conferencias científicas.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Fecha]

Coordinación de Informática y Telecomunicaciones

Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Ciudad de México, México

Asunto: Solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para procesamiento de información genética de E. histolytica

Estimado(a) [Nombre del coordinador o coordinadora]:

Nos dirigimos a usted en calidad de Dra. Elisa Azuara Liceaga, del Posgrado en Ciencias Genómicas, y M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez, de la Academia de Matemáticas, para presentar una solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico del área de Informática y Telecomunicaciones de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Introducción:

En el marco de nuestro proyecto de investigación en el campo de la genómica, estamos llevando a cabo un estudio enfocado en el análisis y procesamiento de información genética de E. histolytica, un organismo de relevancia médica. Nuestro objetivo principal es investigar las características genéticas y las variantes asociadas a la virulencia y resistencia de E. histolytica en una población específica. Para alcanzar este objetivo, es esencial contar con acceso a recursos computacionales de alto rendimiento de manera remota y sin restricción de horarios.

Justificación:

El análisis de información genética de E. histolytica desempeña un papel fundamental en la comprensión de los mecanismos moleculares que determinan su patogenicidad y respuesta ante diferentes condiciones ambientales. El procesamiento de los archivos generados por el Instituto de Ciencias Genómicas de la UNAM, que contienen secuencias genéticas de E. histolytica, requiere un entorno de cómputo científico potente y eficiente. El acceso remoto y sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de su institución nos permitiría realizar análisis avanzados y obtener resultados más precisos en nuestro estudio, sin limitaciones temporales.

Descripción del proyecto:

Nuestro proyecto de investigación tiene como objetivo principal analizar las secuencias genéticas de E. histolytica para identificar variantes asociadas a la virulencia y resistencia del organismo en una población determinada. Para lograrlo, utilizaremos herramientas bioinformáticas especializadas, algoritmos de análisis estadístico y técnicas de aprendizaje automático. El acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico nos proporcionaría la capacidad de procesamiento necesaria para llevar a cabo cálculos computacionales intensivos y realizar un análisis detallado de los datos genéticos de E. histolytica en el momento más adecuado para nuestro proyecto.

Recursos necesarios:

Solicitamos acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México, con el fin de utilizar el entorno de programación R y Python para el procesamiento de información genética de E. histolytica. Asimismo, requerimos un almacenamiento adecuado para la manipulación y resguardo seguro de los archivos generados por el Instituto de Ciencias Genómicas de la UNAM durante el transcurso de nuestra investigación.

Duración del acceso:

Nuestra solicitud abarcaría un período de [especificar la duración], con la posibilidad de extender el acceso en función de las necesidades del proyecto y la disponibilidad de los recursos.

Responsabilidades:

Como solicitantes, nos comprometemos a utilizar los servidores de cómputo científico de manera responsable, respetando las políticas y regulaciones establecidas por la universidad. Garantizamos la confidencialidad y seguridad de los datos genéticos de E. histolytica, y nos comprometemos a cumplir con todas las normativas y procedimientos en materia de protección de datos y privacidad.

Plan de uso:

Presentamos un plan detallado sobre cómo utilizaremos los servidores de cómputo científico de manera remota y sin restricción de horarios para el procesamiento de información genética de E. histolytica. Dicho plan incluye la ejecución de algoritmos de análisis estadístico, la implementación de técnicas de aprendizaje automático y la visualización de resultados mediante herramientas gráficas. Además, nos comprometemos a documentar y compartir los métodos y resultados obtenidos como parte de nuestra contribución a la comunidad científica.

Beneficios y resultados esperados:

Esperamos que nuestro proyecto genere resultados significativos en el campo de la genómica de E. histolytica y contribuya al avance del conocimiento científico en relación con la patogenicidad y resistencia de este organismo. Los resultados obtenidos podrían tener implicaciones importantes en el desarrollo de estrategias de prevención y tratamiento de las enfermedades asociadas a E. histolytica. Además, estamos dispuestos a colaborar activamente con la comunidad académica y a compartir los resultados de nuestra investigación a través de publicaciones y presentaciones en conferencias científicas.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder de manera remota y sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Fecha]

Coordinación de Informática y Telecomunicaciones

Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Ciudad de México, México

Asunto: Solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para procesamiento de información genética de E. histolytica

Estimado(a) [Nombre del coordinador o coordinadora]:

Nos dirigimos a usted en calidad de Dra. Elisa Azuara Liceaga, del Posgrado en Ciencias Genómicas, y M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez, de la Academia de Matemáticas, para presentar una solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico del área de Informática y Telecomunicaciones de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Introducción:

En el marco de nuestro proyecto de investigación en el campo de la genómica, estamos llevando a cabo un estudio enfocado en el análisis y procesamiento de información genética de E. histolytica, un organismo de relevancia médica. Nuestro objetivo principal es investigar las características genéticas y las variantes asociadas a la virulencia y resistencia de E. histolytica en una población específica. Para alcanzar este objetivo, es esencial contar con acceso a recursos computacionales de alto rendimiento de manera remota y sin restricción de horarios.

Resumen sobre E. histolytica y avances recientes:

E. histolytica es un parásito intestinal causante de la amebiasis, una enfermedad con un impacto significativo en la salud global. En años recientes, ha habido avances destacados en el estudio de E. histolytica, particularmente en el campo de la genómica y la biología molecular. La secuenciación del genoma de E. histolytica ha permitido identificar genes y rutas metabólicas involucradas en su patogenicidad, así como en la resistencia a fármacos.

La comprensión de la diversidad genética de E. histolytica también ha mejorado considerablemente gracias a los avances en tecnologías de secuenciación masiva. Se han identificado múltiples genotipos y subtipos de E. histolytica en diferentes regiones geográficas, lo que ha llevado a una mejor comprensión de la epidemiología y la transmisión de la amebiasis.

Además, los estudios de expresión génica y proteómica han revelado genes y proteínas clave involucrados en la invasión de tejidos y la virulencia de E. histolytica. Estos avances han proporcionado nuevas perspectivas sobre los mecanismos moleculares que subyacen a la patogenicidad de este organismo, así como posibles blancos terapéuticos para el desarrollo de medicamentos más efectivos.

En resumen, los avances en el estudio de E. histolytica en años recientes han brindado un mayor entendimiento de su genómica, diversidad genética y mecanismos moleculares asociados a su virulencia. Nuestra investigación se enfoca en contribuir a este campo en constante evolución y es por ello que solicitamos acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder de manera remota y sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Fecha]

Coordinación de Informática y Telecomunicaciones

Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Ciudad de México, México

Asunto: Solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para procesamiento de información genética de E. histolytica

Estimado(a) [Nombre del coordinador o coordinadora]:

Nos dirigimos a usted en calidad de Dra. Elisa Azuara Liceaga, del Posgrado en Ciencias Genómicas, y M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez, de la Academia de Matemáticas, para presentar una solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico del área de Informática y Telecomunicaciones de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Introducción:

En el marco de nuestro proyecto de investigación en el campo de la genómica, estamos llevando a cabo un estudio enfocado en el análisis y procesamiento de información genética de E. histolytica, un organismo de relevancia médica. Nuestro objetivo principal es investigar las características genéticas y las variantes asociadas a la virulencia y resistencia de E. histolytica en una población específica. Para alcanzar este objetivo, es esencial contar con acceso a recursos computacionales de alto rendimiento de manera remota y sin restricción de horarios.

Resumen sobre E. histolytica y avances recientes:

E. histolytica es un parásito intestinal causante de la amebiasis, una enfermedad con un impacto significativo en la salud global. En años recientes, ha habido avances destacados en el estudio de E. histolytica, particularmente en el campo de la genómica y la biología molecular. La secuenciación del genoma de E. histolytica ha permitido identificar genes y rutas metabólicas involucradas en su patogenicidad, así como en la resistencia a fármacos.

La comprensión de la diversidad genética de E. histolytica también ha mejorado considerablemente gracias a los avances en tecnologías de secuenciación masiva. Se han identificado múltiples genotipos y subtipos de E. histolytica en diferentes regiones geográficas, lo que ha llevado a una mejor comprensión de la epidemiología y la transmisión de la amebiasis.

Además, los estudios de expresión génica y proteómica han revelado genes y proteínas clave involucrados en la invasión de tejidos y la virulencia de E. histolytica. Estos avances han proporcionado nuevas perspectivas sobre los mecanismos moleculares que subyacen a la patogenicidad de este organismo, así como posibles blancos terapéuticos para el desarrollo de medicamentos más efectivos.

Impacto y beneficio:

La obtención de acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México nos brindaría numerosos beneficios en términos de avance científico y generación de conocimiento. Los resultados obtenidos a partir de este proyecto serán difundidos a través de la publicación de artículos científicos en revistas arbitradas, lo que contribuirá al cuerpo de conocimiento existente y fortalecerá el prestigio de nuestra institución.

Además, este proyecto será de gran relevancia para la formación académica de estudiantes de licenciatura y posgrado, ya que permitirá la realización de tesis y trabajos de investigación en el campo de la genómica y el análisis computacional de datos genéticos. También brindará oportunidades de colaboración y trabajo conjunto con posdoctorantes, enriqueciendo el ambiente académico y fomentando el intercambio de conocimientos con investigadores del Instituto Politécnico Nacional (IPN) y otros colaboradores dentro de la Universidad.

El acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México también nos permitirá fortalecer la relación de trabajo entre el Posgrado en Ciencias Genómicas y la Academia de Matemáticas. La colaboración interdisciplinaria entre ambas instituciones promoverá el desarrollo de herramientas computacionales avanzadas, incluido el uso de técnicas de aprendizaje automático (machine learning), que serán fundamentales en el análisis y la interpretación de los datos genómicos obtenidos de E. histolytica.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder de manera remota y sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[Fecha]

Coordinación de Informática y Telecomunicaciones

Universidad Autónoma de la Ciudad de México

Ciudad de México, México

Asunto: Solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para procesamiento de información genética de E. histolytica

Estimado(a) [Nombre del coordinador o coordinadora]:

Nos dirigimos a usted en calidad de Dra. Elisa Azuara Liceaga, del Posgrado en Ciencias Genómicas, y M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez, de la Academia de Matemáticas, para presentar una solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico del área de Informática y Telecomunicaciones de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México.

Introducción:

En el marco de nuestro proyecto de investigación en el campo de la genómica, estamos llevando a cabo un estudio enfocado en el análisis y procesamiento de información genética de E. histolytica, un organismo de relevancia médica. Nuestro objetivo principal es investigar las características genéticas y las variantes asociadas a la virulencia y resistencia de E. histolytica en una población específica. Para alcanzar este objetivo, es esencial contar con acceso a recursos computacionales de alto rendimiento de manera remota y sin restricción de horarios.

Resumen sobre E. histolytica y avances recientes:

E. histolytica es un parásito intestinal causante de la amebiasis, una enfermedad con un impacto significativo en la salud global. En años recientes, ha habido avances destacados en el estudio de E. histolytica, particularmente en el campo de la genómica y la biología molecular. La secuenciación del genoma de E. histolytica ha permitido identificar genes y rutas metabólicas involucradas en su patogenicidad, así como en la resistencia a fármacos.

La comprensión de la diversidad genética de E. histolytica también ha mejorado considerablemente gracias a los avances en tecnologías de secuenciación masiva. Se han identificado múltiples genotipos y subtipos de E. histolytica en diferentes regiones geográficas, lo que ha llevado a una mejor comprensión de la epidemiología y la transmisión de la amebiasis.

Además, los estudios de expresión génica y proteómica han revelado genes y proteínas clave involucrados en la invasión de tejidos y la virulencia de E. histolytica. Estos avances han proporcionado nuevas perspectivas sobre los mecanismos moleculares que subyacen a la patogenicidad de este organismo, así como posibles blancos terapéuticos para el desarrollo de medicamentos más efectivos.

Impacto y beneficio:

La obtención de acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México nos brindaría numerosos beneficios en términos de avance científico y generación de conocimiento. Los resultados obtenidos a partir de este proyecto serán difundidos a través de la publicación de artículos científicos en revistas arbitradas, lo que contribuirá al cuerpo de conocimiento existente y fortalecerá el prestigio de nuestra institución.

Además, este proyecto será de gran relevancia para la formación académica de estudiantes de licenciatura y posgrado, ya que permitirá la realización de tesis y trabajos de investigación en el campo de la genómica y el análisis computacional de datos genéticos. También brindará oportunidades de colaboración y trabajo conjunto con posdoctorantes, enriqueciendo el ambiente académico y fomentando el intercambio de conocimientos con investigadores del Instituto Politécnico Nacional (IPN) y otros colaboradores dentro de la Universidad.

El acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México también nos permitirá fortalecer la relación de trabajo entre el Posgrado en Ciencias Genómicas y la Academia de Matemáticas. La colaboración interdisciplinaria entre ambas instituciones promoverá el desarrollo de herramientas computacionales avanzadas, incluido el uso de técnicas de aprendizaje automático (machine learning), que serán fundamentales en el análisis y la interpretación de los datos genómicos obtenidos de E. histolytica.

En resumen, la publicación de artículos científicos en revistas arbitradas, la realización de tesis de licenciatura y posgrado, el trabajo de posdoctorantes, así como el fortalecimiento de la relación de trabajo con investigadores del IPN y al interior de la Universidad, en la colaboración entre el Posgrado en Ciencias Genómicas y la Academia de Matemáticas, serán beneficios concretos derivados de esta colaboración. Estos avances contribuirán al avance del conocimiento científico y al desarrollo de herramientas computacionales de machine learning, acercándonos a la obtención de resultados significativos en el estudio de E. histolytica.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder de manera remota y sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

[Dra. Elisa Azuara Liceaga]

[Posgrado en Ciencias Genómicas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

[M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez]

[Academia de Matemáticas]

[Correo electrónico]

[Teléfono]

**Coordinación de Informática y Telecomunicaciones**

**Universidad Autónoma de la Ciudad de México**

**Ciudad de México, México**

A 7 de junio de 2023

**Dra. Elisa Azuara Liceaga**

Posgrado en Ciencias Genómicas

Elisa.azuara@uacm.edu.mx

**M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez**

Academia de Matemáticas

Carlos.martinez@uacm.edu.mx

**Asunto:** Solicitud de acceso remoto sin restricción de horarios a servidores para realizar cómputo científico en R y Python para el procesamiento de información genética de E. Histolytica

Estimado Ing. Luis Alberto Aguilar Sánchez:

Nos dirigimos a usted, la Dra. Elisa Azuara Liceaga del Posgrado en Ciencias Genómicas y el M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez de la Academia de Matemáticas, para presentar una solicitud de acceso remoto a uno de los servidores con que cuenta el área de Informática y Telecomunicaciones bajo su cargo en el Planel Cautepec.

~~Introducción:~~

En el marco de nuestro proyecto de investigación en el campo de ciencias genómicas, estamos llevando a cabo un estudio centrado en el análisis y procesamiento de información genética en específico del organismo E. histolytica, un organismo de relevancia científica por (dar las razones). Nuestro objetivo principal es (dar los objetivos). Para alcanzar este objetivo, es fundamental contar con acceso remoto a recursos computacionales de alto rendimiento sin restricciones de horarios para poder procesar la información que consiste en multiples archivos de gran tamaño y que requieren de recursos computacionales que una computadora convencional no puede proporcionar.

~~Resumen sobre E. histolytica y avances recientes:~~

E. histolytica es un parásito intestinal causante de la amebiasis, una enfermedad con un impacto significativo en la salud a nivel mundial. En los últimos años, se han logrado avances destacados en el estudio de E. histolytica, especialmente en los campos de la genómica y la biología molecular. La secuenciación del genoma de E. histolytica ha permitido identificar genes y vías metabólicas involucradas en su patogenicidad, así como en la resistencia a fármacos.

Asimismo, los avances en tecnologías de secuenciación masiva han mejorado considerablemente nuestra comprensión de la diversidad genética de E. histolytica. Se han identificado múltiples genotipos y subtipos de E. histolytica en diferentes regiones geográficas, lo que ha llevado a una mejor comprensión de la epidemiología y la transmisión de la amebiasis.

Además, los estudios de expresión génica y proteómica han revelado genes y proteínas clave involucrados en la invasión de tejidos y la virulencia de E. histolytica. Estos avances han proporcionado nuevas perspectivas sobre los mecanismos moleculares que subyacen a la patogenicidad de este organismo, así como posibles blancos terapéuticos para el desarrollo de medicamentos más efectivos.

~~Impacto y beneficio:~~

La obtención de acceso remoto a libre demanda a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México del Planel Cautepec tendría un impacto significativo en términos de avance científico y generación de conocimiento. Los resultados obtenidos en este proyecto se espera se ven reflejados en la publicación de artículos científicos en revistas internacionales arbitradas, lo que contribuirá al cuerpo de conocimiento existente y consolidará el prestigio de nuestra institución.

Además, este proyecto brindará importantes oportunidades de formación académica para estudiantes de licenciatura y posgrado, ya que podrán desarrollar sus tesis y trabajos de investigación en el campo de la genómica y el análisis computacional de datos genéticos. También fomentará la colaboración y el trabajo conjunto con posdoctorantes, enriqueciendo el ambiente académico y promoviendo el intercambio de conocimientos con investigadores e investigadoras del Instituto Politécnico Nacional (IPN) así como de otros profesores investigadores y profesoras investigadoras dentro de nuestra Universidad.

El acceso remoto sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México también fortalecerá la relación de trabajo entre el Posgrado en Ciencias Genómicas y la Academia de Matemáticas. La colaboración interdisciplinaria entre ambos grupos colegiadosimpulsará el desarrollo de herramientas computacionales avanzadas y de Bionformática, incluyendo técnicas de aprendizaje automático (machine learning), que serán fundamentales en el análisis y la interpretación de los datos genómicos obtenidos de E. histolytica.

~~Duración del acceso:~~

Nuestra solicitud abarcaría un período de 12 años, con la posibilidad de extender el acceso en función de las necesidades del proyecto y la disponibilidad de los recursos por seis meses.

~~Responsabilidades:~~

Como solicitantes, nos comprometemos a utilizar los servidores de cómputo científico de manera responsable, respetando las políticas y regulaciones establecidas por la universidad. Garantizamos la confidencialidad y seguridad de los datos genéticos de E. histolytica, y nos comprometemos a cumplir con todas las normativas y procedimientos en materia de protección de datos y privacidad.

~~Plan de uso:~~

Presentamos un plan detallado sobre cómo utilizaremos los servidores de cómputo científico de manera remota y sin restricción de horarios para el procesamiento de información genética de E. histolytica. Dicho plan incluye la ejecución de algoritmos de análisis estadístico desarrollados tanto en R como en Python, la implementación de técnicas de aprendizaje automático y la visualización de resultados mediante herramientas gráficas relacionadas con Bioinformática. Además, nos comprometemos compartir los métodos y resultados obtenidos como parte de nuestra contribución a la comunidad científica a través de conferencias, pláticas o publicaciones en revistas científicas del área.

En resumen, la publicación de artículos científicos en revistas arbitradas, la realización de tesis de licenciatura y posgrado, el trabajo de posdoctorantes, así como el fortalecimiento de la relación de trabajo con investigadores del IPN y al interior de la Universidad, son beneficios acequibles derivados de esta colaboración. Estos avances contribuirán al desarrollo del conocimiento científico y al desarrollo de herramientas computacionales de Bioinformática y Machine Learning, acercándonos cada vez más a la obtención de resultados significativos en el estudio de E. histolytica.

Agradecemos de antemano su atención a esta solicitud y esperamos contar con su apoyo para acceder de manera remota y sin restricción de horarios a los servidores de cómputo científico de la Universidad Autónoma de la Ciudad de México en el Plantel Cuautepec. Estamos convencidos de que esta colaboración será beneficiosa tanto para nuestra investigación como para el prestigio y desarrollo científico de su institución.

Adjuntamos nuestros datos de contacto y quedamos a su disposición para ampliar cualquier información adicional que se requiera.

Agradeciendo su atención, quedamos a la espera de su favorable respuesta.

Atentamente,

Dra. Elisa Azuara Liceaga

Posgrado en Ciencias Genómicas

[elisa.azuara@uacm.edu.mx](mailto:elisa.azuara@uacm.edu.mx)

M. en C. Carlos E. Martínez Rodríguez

Academia de Matemáticas

[carlos.martinez@uacm.edu.mx](mailto:carlos.martinez@uacm.edu.mx)