



# ANDRÉS ARREDONDO CRUZ


Licenciado en Ciencias Agrogenómicas con experiencia en bioinformática y programación en R, Python y Bash. Se emplear técnicas de biología molecular y microbiología para la identificación de microorganismos bajo la norma ISO 9001:2015. Experiencia en bioestadística, análisis de datos, e implementación de bases de datos biológicas. Me interesa la divulgación científica, la agricultura y la enseñanza.



## EDUCACIÓN

- 06/2024  
|  
06/2019
- **Licenciatura en Ciencias Agrogenómicas**  
ENES León, UNAM  León, México
    - Tesis titulada “Estudio del Metabolismo Especializado en Metagenomas de Océanos contaminados con Hidrocarburos”<sup>7</sup>
    - Servicio y practicas en el Laboratorio de Investigación Interdisciplinaria LII bajo la norma ISO 9001 2015
    - Protocolo de aislamiento e identificación de hongos fitopatógenos.
  - **Estancia**  
Laboratorio de Bioinformática Centro de Ciencias Matemáticas UNAM  Morelia, México
    - Desarrollo de un paquete de R para identificar enzimas del metabolismo especializado en datos metagenómicos
    - Entrenamiento en Bioestadística para el análisis del microbioma.

## EXPERIENCIA LABORAL

- Presente  
|  
01/2024
- **Prácticas profesionales**  
C3  Virtual
    - Desarrollo de app para el Museo de Matemáticas<sup>2</sup>
    - Revisor de contenidos para media.
  - **Analista de datos Metagenómicos**  
Betterlab  Irapuato, Guanajuato
    - Implementación de software a datos metagenómicos
    - Cursos de extracción de ADN y PCR
    - Construir protocolo de búsqueda de productos naturales

## CONTACTO



[andres.arredondoc@comunidad.unam.mx](mailto:andres.arredondoc@comunidad.unam.mx)



[andresabstract@gmail.com](mailto:andresabstract@gmail.com)



[andrespan](#)



[a\\_arredondoc](#)



[Cédula 14665861](#)

## HABILIDADES

Técnicas de laboratorio, Microbiología y Biología Molecular. Programación, diseño de páginas web con Quarto. Microsoft Office, Canvas, Illustrator, Git. Escucha activa, adaptabilidad, atención al detalle.

## INTERESES

Minería genómica - Desarrollo en R. -Divulgación Microbiomas -Metagenómica - Agricultura - Degradación de hidrocarburos -Pangenómica.

## PROGRAMACIÓN

**Experiencia:** R, Bash, Python  
**Familiaridad:** Perl, css

## PREMIOS Y ARTÍCULOS

- 01/2025 ● **MIBiG 4.0: advancing biosynthetic gene cluster curation through global collaboration**<sup>3</sup>  
Laboratorio de Bioinformática CCM  Morelia, México  
• Curación de la base de datos de productos naturales MIBiG 4.0
- 08/2024 ● **“Introduction to genome mining”**<sup>4</sup>  
Laboratorio de Bioinformática CCM  The Carpentries  
• Redacción del capítulo de la lección “Genome Mining in Prokaryotes”  
• Revisión y mantenimiento de la lección
- 6/2024 ● **Primer lugar en concurso de Wikipedia**  
ISCB conference 2024  Virtual  
• Por la creación del artículo “Minería Genómica”<sup>5</sup>
- 07/2023 ● **Hackathon CAMDA 2023**  
Poster  Morelia, México  
• 1er lugar en el concurso de la conferencia de Predicción de la Resistencia Antimicrobiana y Forense del ISCB<sup>6</sup>
- 11/2022 ● **Segundo lugar en editathon de Wikipedia**  
ISCB-LA SolBio BioNetMX 2022  Queretaro, México  
• Por el artículo “Variante de secuencia del amplicón”<sup>7</sup>
- 11/1/2022 ● **“Clustering Protein Sequences”**<sup>8</sup>  
Laboratorio de Bioinformática CCM  The Carpentries  
• De la lección de The Carpentries “Pangenome Analysis in Prokaryotes”



## PLÁTICAS Y CARTELES

- 11/2024 ● **“Comandos de navegación y como acceder a un servidor”**  
Charla para curso de Bash del RSG México  Virtual  
• Curso para principiantes en el uso de comandos de bash impartido por el student council del ISCB region México
- 09/2024 ● **“Estudio del Metabolismo Especializado en Metagenomas de Océanos contaminados con Hidrocarburos”**  
Charla  Virtual  
• Encuentro Académico Estudiantil ICML 2024
- 01/2024 ● **Taller de Minería Genómica**  
Instructor invitado y ayudante  Virtual  
• Impartido por el Nodo Nacional de Bioinformática

- 08/2023 ● **"Documentacion de paquetes de R con roxygen2"**  
Charla 📍 CDSB 2023  
· Taller de análisis de "Creando paquetes de R/Bioconductor para análisis transcriptómicos de célula única"<sup>9</sup>
- 06/2023 ● **Conferencia Anual de Bioconductor**  
Poster 📍 Virtual  
· MetaEvoMining: una herramienta para la exploración de nuevas rutas biosintéticas aplicado a datos metagenómicos de un océano contaminado
- 01/2023 ● **"Lenguajes de programación: bash, R y Python"**  
Departamento de Educación Continua Coordinación General de Estudios de Posgrado UNAM 📍 Virtual  
· Curso intersemestral "Introducción a la bioinformática"
- 2023 ● **MetaEvoMining: a tool for the exploration of unknown enzymes in metagenomic data**  
Curso Intersemestral "Análisis de metagenomas" del ICMYL 📍 Virtual  
· Ayudante y ponente Invitado
- 11/2022 ● **Conferencia Internacional en Bioinformática de la ISCB**  
Poster 📍 Queretaro, México  
· "Estudio del Metabolismo Especializado en Metagenomas de Océanos contaminados con Hidrocarburos"



## CURSOS

- 8/2024 ● **Segundo Taller Latinoamericano de Minería Genómica de Productos Naturales**  
CIMAT 📍 Guanajuato, México  
· Revisor de la lección y ayudante.
- 11/2022 ● **Taller de Pangenómica**  
Centro de Ciencias Matemáticas 📍 Morelia, México
- 9/2022 ● **Primer Taller Latinoamericano de Minería Genómica de Productos Naturales**  
CIMAT 📍 Guanajuato, México
- 6/2022 ● **Análisis avanzado de metagenomas "Creando tus flujos de análisis con R/Bioconductor"**  
Comunidad de desarrolladores de software en Bioinformática 📍 Virtual

10/2021



## Taller de Metagenómica

Centro de Ciencias Matemáticas

📍 Virtual

### LINKS

- 1: <https://hdl.handle.net/20.500.14330/TES01000857500>
- 2: <https://mumat.matcuer.unam.mx/#intro>
- 3: <https://scholar.google.com.mx/citations?hl=es&user=roRyAKQAAAAJ>
- 4: <https://carpentries-incubator.github.io/genome-mining/01-introduction/index.html>
- 5: [https://es.wikipedia.org/wiki/Miner%C3%ADa\\_gen%C3%B3mica](https://es.wikipedia.org/wiki/Miner%C3%ADa_gen%C3%B3mica)
- 6: <https://www.gaceta.unam.mx/tag/trofeo-camda-2023/>
- 7: [https://es.wikipedia.org/wiki/Variante\\_de\\_secuencia\\_de\\_amplic%C3%B3n](https://es.wikipedia.org/wiki/Variante_de_secuencia_de_amplic%C3%B3n)
- 8: [https://carpentries-incubator.github.io/pangenomics/06-get\\_homologues/index.html](https://carpentries-incubator.github.io/pangenomics/06-get_homologues/index.html)
- 9: <https://comunidadbioinfo.github.io/es/post/cdsb-2023-workshop/>

Made with the R package [pagedown](#).

The source code is available at  
[andrespan/CV](#)  
and is powered by [nstrayer/cv](#).

Last updated on 2025-01-20.