



BiomicsAcademy

DIVISIÓN EDUCATIVA DE BIOMICSDATA ·
CATÁLOGO DE CURSOS 2026

Contacto

biomicsdata.com

info@biomicsdata.com

+58 412 241 8000

@biomicsdata · @biomicsacademy

Bienvenido a la división educativa de **BiomicsData**. Capacitamos a científicos, profesionales de la salud e investigadores en el uso crítico y avanzado de herramientas bioinformáticas y de ciencia de datos de código abierto. Cada curso funciona de manera **100 % independiente**, permitiéndote construir tu propio trayecto formativo.



Bloque 1 — Fundamentos Computacionales y Ciencia de Datos

1 Introducción a la Línea de Comandos (Bash)

Domina el entorno de la terminal Linux/Unix: navegación de sistemas de archivos locales y remotos, gestión de permisos, variables de entorno y procesos. Manipulación masiva de archivos biológicos (FASTA, FASTQ, SAM) con grep, awk y sed. El curso culmina con scripts automatizados para flujos de análisis reproducibles.

Dirigido a: **Ciencias de la vida, bioanalistas, investigadores en biología computacional / HPC**

Duración: **10 horas académicas**

Prerrequisitos: **Ninguno**

2 Introducción al Lenguaje de Programación R (Niveles I y II)

Formación integral en dos fases. **Nivel I:** sintaxis base, estructuras de datos (vectores, matrices, factores, data frames) y control de flujo. **Nivel II:** ecosistema *tidyverse* (dplyr, tidyr) y visualización científica avanzada con ggplot2 bajo estándares editoriales internacionales.

Dirigido a: **Investigadores, ecólogos, epidemiólogos, bioanalistas y profesionales de la salud**


Duración: **40 horas (20 h por nivel)**


Prerrequisitos: **Estadística descriptiva básica**

3 Introducción a la Inteligencia Artificial

Desmitifica el Machine Learning y el Deep Learning en ciencias de la vida. Modelos **supervisados** (Random Forest, SVM, regresiones) y **no supervisados** (K-means, clustering jerárquico, PCA). Entrenamiento, validación y evaluación de modelos predictivos para identificación de patrones y diagnóstico molecular.

 Dirigido a: **Biotecnólogos, profesionales de la salud, bioinformáticos e informáticos**

 Duración: **16 horas académicas**

 Prerrequisitos: **Estructuras de datos básicas**



Bloque 2 — Núcleo Bioinformático y Genómica Avanzada


4 Fundamentos de Bioinformática (Niveles I, II y III) ★ Programa Insignia

Inmersión profunda en los pilares teóricos y prácticos de la bioinformática:

- **Nivel I — Bioinformática de Secuencias:** repositorios públicos (NCBI, Ensembl, UniProt), BLAST y alineamientos múltiples.
- **Nivel II — Genómica Evolutiva y Comparada:** modelos de sustitución, filogenia por Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana.
- **Nivel III — Bioinformática Estructural:** modelado 3D de proteínas, evaluación de estructuras y conceptos de *docking* molecular.


 Dirigido a: **Graduados de biología, bioquímica, medicina, farmacia y áreas afines**

 Duración: **60 horas (20 h por nivel)**

 Prerrequisitos: **Biología molecular y genética básica**

5 Introducción al Análisis de Datos de Secuenciación Masiva (NGS)

Procesamiento primario y secundario de lecturas crudas de plataformas **Illumina, Oxford Nanopore y PacBio**: control de calidad (FastQC, MultiQC), filtrado y remoción de adaptadores (Trimmomatic, fastp), alineación y mapeo contra genomas de referencia (BWA, Bowtie2).


 Dirigido a: **Investigadores, genetistas y microbiólogos con proyectos de secuenciación ADN/ARN**


 Duración: **20 horas académicas**

 Prerrequisitos: **Línea de comandos Bash (intermedio)**

6 Análisis Diferencial de la Expresión Génica

Análisis estadístico avanzado de transcriptómica RNA-Seq: cuantificación de transcritos, identificación de genes diferencialmente expresados con **DESeq2 / edgeR**, control de *batch effects*, normalización de varianzas y enriquecimiento funcional con Gene Ontology y vías KEGG.

 Dirigido a: **Bioinformáticos, biólogos moleculares, oncólogos e inmunólogos**


 Duración: **16 horas académicas**

 Prerrequisitos: **R/Tidyverse intermedio + fundamentos NGS**

7 Ensamblaje y Anotación de Genomas

Reconstrucción *de novo* de genomas y caracterización funcional: ensamblaje (SPAdes, Flye), evaluación de continuidad y completitud (QUAST, BUSCO) y anotación funcional rápida (Prokka, Bakta) para predicción de genes de microorganismos de interés clínico o industrial.

 Dirigido a: **Microbiólogos, epidemiólogos moleculares, biotecnólogos y fitopatólogos**

 Duración: **16 horas académicas**

 Prerrequisitos: **Línea de comandos Bash (intermedio)**

 **Decodificando la complejidad biológica**

BiomicsData · BiomicsAcademy · Todos los derechos reservados 2026

 biomicsdata.com |  info@biomicsdata.com

 +58 412 241 8000 |  [@biomicsdata](#) ·

[@biomicsacademy](#)