

CURRICULUM VITAE

Datos generales y nombramiento

LI Heladia Salgado Osorio

Técnica Académica Titular C, Tiempo Completo

Centro de Ciencias Genómicas, Universidad Nacional Autónoma de México

Antigüedad en la UNAM: desde 1994; nombramiento como Técnica Académica de Tiempo Completo desde 1998.

Síntesis de contribución académica

Heladia Salgado Osorio es Técnica Académica Titular C de tiempo completo en el Centro de Ciencias Genómicas (CCG), UNAM. Su trayectoria académica se ha centrado en el modelado estructural de la regulación transcripcional bacteriana, integrando análisis genómico, predicción computacional de sitios regulatorios y formalización metodológica de la evidencia experimental.

Ha contribuido al desarrollo de marcos conceptuales para la representación de unidades regulatorias funcionales, incluyendo la introducción y consolidación del concepto de Gensor Units, así como a la construcción de esquemas ontológicos y criterios de clasificación de evidencia para la integración de datos clásicos y de alto rendimiento. Estas contribuciones han sido parte fundamental en la evolución de RegulonDB como infraestructura científica de referencia internacional en regulación génica bacteriana.

En años recientes ha ampliado su línea de trabajo hacia el desarrollo tecnológico y la integración de herramientas basadas en inteligencia artificial para el despliegue, exploración y reutilización del conocimiento curado. Es autora y coautora de publicaciones en revistas internacionales acumulando más de 4,047 citas (h-index 23), y ha participado activamente en la formación de recursos humanos y en iniciativas de innovación educativa en bioinformática.

A lo largo de su trayectoria ha recibido diversas distinciones académicas, incluyendo el nombramiento como Investigadora Nacional Nivel 1 en el Sistema Nacional de Investigadores (2005–2023).

Desarrollo tecnológico e infraestructura científica

RegulonDB: coordinación técnica e integración interdisciplinaria

RegulonDB es un recurso internacional de referencia para el estudio de la regulación transcripcional en *Escherichia coli*. En el marco de su desarrollo y evolución, Heladia Salgado Osorio coordina las actividades de desarrollo de software del equipo, articulando la interacción entre especialistas en biología y en computación para asegurar la coherencia entre el modelo conceptual biológico y su implementación tecnológica.

Su labor incluye la definición y supervisión de requerimientos funcionales, la integración estructurada de evidencia experimental en los sistemas de representación del recurso y la validación conceptual de las actualizaciones del modelo regulatorio. Ha fungido como puente entre el análisis biológico experto y el diseño computacional, contribuyendo a la consolidación de RegulonDB como infraestructura científica interoperable y escalable.

En etapas recientes ha participado en la integración de datos de alto rendimiento y en la incorporación de herramientas basadas en inteligencia artificial para fortalecer el despliegue, consulta y aprovechamiento del conocimiento curado.

Contribuciones científicas clave

Infraestructura científica: evolución de RegulonDB

1. Gama-Castro S., Jiménez-Jacinto V., Peralta-Gil M., et al., **Salgado H.** *RegulonDB (version 6.0): gene regulation model of Escherichia coli K-12 beyond transcription, active annotated promoters and Textpresso navigation.* Nucleic Acids Res. 2007.
Citas: 384.
Actualización estructural mayor del recurso RegulonDB, consolidando su posicionamiento internacional.
2. Gama-Castro S., **Salgado H.**, Santos-Zavaleta A., et al. *RegulonDB version 9.0: high-level integration of gene regulation, coexpression, motif clustering and beyond.* Nucleic Acids Res. 2016;44(D1):D133–D143.
Citas: 354.
Integración ampliada de evidencia experimental y expansión del modelo conceptual.
3. Santos-Zavaleta A., **Salgado H.**, Gama-Castro S., et al. *RegulonDB v10.5: tackling challenges to unify classic and high-throughput knowledge of gene regulation in E. coli K-12.* Nucleic Acids Res. 2018.
Citas: 254.
Unificación estructurada de conocimiento clásico y datos de alto rendimiento.
4. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Lara P., et al. *RegulonDB v12.0: a comprehensive resource of transcriptional regulation in E. coli K-12.* Nucleic Acids Res. 2023.
doi:10.1093/nar/gkad1072.
Citas: 50.
Actualización reciente que consolida integración estructurada y expansión del modelo regulatorio.

Formalización conceptual de la regulación

5. Gama-Castro S., **Salgado H.**, Peralta-Gil M., et al. *RegulonDB version 7.0: transcriptional regulation of Escherichia coli K-12 integrated within genetic sensory response units (Gensor Units).* Nucleic Acids Res. 2011;39(Database issue):D98–D105.
Citas: 286.
Introducción formal del concepto de Gensor Units para modelar unidades regulatorias funcionales.

6. Tierrafría V.H., Mejía-Almonte C., Camacho-Zaragoza J.M., **Salgado H.**, et al. *MCO: towards an ontology and unified vocabulary for a framework-based annotation of microbial growth conditions*. Bioinformatics. 2018.
Citas: 1.
Desarrollo de una ontología para la representación estandarizada del conocimiento regulatorio.

Integración experimental y herramientas de curación

7. Tierrafría V.H., Rioualen C., **Salgado H.**, et al. *RegulonDB 11.0: comprehensive high-throughput datasets on transcriptional regulation in Escherichia coli K-12*. Microb Genom. 2022;8(5):mgen000833.
Citas: 77.
Expansión hacia integración sistemática de datos de alto rendimiento.
8. Mendoza-Vargas A., Olvera L., Olvera M., Grande R., Vega-Alvarado L., Taboada B., Jimenez-Jacinto V., **Salgado H.**, Juárez K., Contreras-Moreira B., Huerta A.M., Collado-Vides J., Morett E. *Genome-wide identification of transcription start sites, promoters and transcription factor binding sites in E. coli*. PLoS ONE. 2009;4(10):e7526.
Citas: 205.
Caracterización global de arquitectura regulatoria y mapeo de sitios de inicio de transcripción.
9. Díaz-Rodríguez M., Lithgow-Serrano O., Guadarrama-García F., Tierrafría V.H., Gama-Castro S., Solano-Lira H., **Salgado H.**, Rinaldi F., Méndez-Cruz C.F., Collado-Vides J. *Lisen&Curate: a platform to facilitate gathering textual evidence for curation of regulation of transcription initiation in bacteria*. Biochim Biophys Acta Gene Regul Mech. 2021;1864(11–12):194753.
Citas: 1.
Plataforma para sistematizar procesos de curación y despliegue estructurado del conocimiento.

Modelado y predicción de regulación transcripcional

10. **Salgado H.**, Moreno-Hagelsieb G., Smith T.F., Collado-Vides J. *Operons in Escherichia coli: genomic analyses and predictions*. Proc Natl Acad Sci U S A (PNAS). 2000;97(12):6652–6657.
Citas: 270.
Análisis genómico y predicción sistemática de operones en *E. coli*, contribuyendo a la comprensión estructural de la organización transcripcional bacteriana.
11. Thieffry D., **Salgado H.**, Huerta A.M., Collado-Vides J. *Prediction of transcriptional regulatory sites in the complete genome sequence of Escherichia coli K-12*. Bioinformatics. 1998;14(5):391–400.
Citas: 64.
Aplicación temprana de modelos computacionales (redes neuronales) para la predicción de sitios regulatorios.
12. Medina-Rivera A., Abreu-Goodger C., Thomas-Chollier M., **Salgado H.**, Collado-Vides J., van Helden J. *Theoretical and empirical quality assessment of transcription factor-binding motifs*. Nucleic Acids Res. 2011;39(3):808–824.

Citas: 35.

Evaluación teórica y empírica de matrices de peso para factores de transcripción, consolidando criterios metodológicos para el modelado regulatorio.

Proyectos con financiamiento

Proyectos vigentes (2025–2028)

IF202226. Plataforma de asistentes conversacionales para investigación y formación académica basada en IA generativa.

Financiamiento: PAPIIT–UNAM. 2026–2027.

Responsable del proyecto. Iniciativa interdisciplinaria orientada al desarrollo de asistentes basados en IA para el despliegue estructurado de conocimiento científico y su integración en procesos de investigación y formación académica.

PAPIIT IN214126. Conocimiento de Calidad para un Modelo Latente de la Regulación Microbiana.

Responsable: Dr. Pedro Julio Collado-Vides. 2026–2028. Participación como Técnica Académica Titular C, coordinando el desarrollo de asistentes de IA y el diseño e implementación del despliegue de conocimiento en RegulonDB.

Participación en proyectos financiados previos (CONACYT y NIH)

A lo largo de su trayectoria ha participado en diversos proyectos de investigación financiados por CONACYT y por agencias internacionales como el National Institutes of Health (NIH), orientados al desarrollo y consolidación de RegulonDB como infraestructura científica de referencia internacional. En estos proyectos ha contribuido en la integración conceptual del conocimiento regulatorio y en la coordinación de actividades técnicas vinculadas al desarrollo del recurso.

Premios y distinciones

- Nombramiento como Investigadora Nacional Nivel 1, Sistema Nacional de Investigadores (SNI), 2005–2023.
- Premio Sor Juana Inés de la Cruz, Universidad Nacional Autónoma de México, 2011.
- Programa de Primas al Desempeño del Personal Académico de Tiempo Completo (PRIDE), Nivel D, Universidad Nacional Autónoma de México. Nivel D desde 2002; ratificación más reciente en noviembre de 2022 (Acta 1648 del Consejo Técnico de la Investigación Científica).
- Investigadora Honorífica, Sistema Estatal de Investigadores (SEI), Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM), 2009 y 2011.
- Reconocimiento por 15 años de labor docente en la Licenciatura en Ciencias Genómicas, UNAM, 2018.
- Reconocimiento al Mérito Universitario por 25 años de labor académica ininterrumpida en la UNAM, 2024.

Trayectoria académica y promociones

- Promoción a Técnica Académica Titular C, Tiempo Completo, UNAM, 2017.
- Promoción a Técnica Académica Titular B, Tiempo Completo, UNAM, 2013.
- Definitividad como Técnica Académica, UNAM, 2001.

Distinciones en desarrollo de software científico

- Participación en la obtención del Nivel 1 de capacidades de proceso conforme a la norma NMX-I-059-NYCE-2005 (2010).
- Participación en la acreditación del Nivel 2 de madurez en desarrollo de software conforme a la norma NMX-I-059-NYCE-2001 (2011), fungiendo como responsable del proceso de Gestión de Proyectos.

Formación de recursos humanos

La formación de estudiantes se ha orientado principalmente al desarrollo de herramientas, servicios web, visualización de datos y automatización de procesos asociados a RegulonDB, fortaleciendo la articulación entre biología computacional y desarrollo de software científico.

Dirección y codirección de tesis concluidas

Maestría

- **Shirley Alquicira Hernández.** Maestría en Tecnologías de la Información y Comunicación, Universidad Politécnica del Estado de Morelos (2015).
Base de conocimiento para la gestión de información del Programa de Genómica Computacional.
- **Luis José Muñoz Rascado.** Codirección de tesis de maestría, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2008).
- **Adriana Hernández Camacho.** Maestría en Tecnologías de la Información y Comunicaciones, Universidad Politécnica del Valle de México (2012).
Automatización de overviews de factores sigma y sRNA en *E. coli*.

Licenciatura

- **Erick Iván Martínez Guerrero.** Instituto Tecnológico de Zacatepec (2010).
Bacterial Genome Browser.
- **Luis Olarte Gervacio.** Instituto Tecnológico de Zacatepec (2018).
API para despliegue dinámico de elementos genéticos en RegulonDB.
- **Pablo E. Peña Loredó.** Instituto Tecnológico de Zacatepec (2019).
Integración de herramientas para visualización del mapa circular del genoma en RegulonDB.

Residencias y estancias profesionales concluidas (2016–2022)

- **Luis Olarte Gervacio.** Residencia profesional, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2016).
- **Pablo Peña Loredó.** Residencia profesional, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2016).
- **Felipe de Jesús Lima Cantú.** Residencia profesional, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2018).
- **Gabriel Alarcón Carranza.** Residencia profesional, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2018–2019).
- **Daniel Moreno Alonso; Felipe Betancourt Figueroa; Alan Roberto Rojas Gallardo; Jamenson Leonardo Corrales Sánchez.** Residencias profesionales, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2020).

Residencias y tutorías recientes (2023–2025)

- **Daniel Piña Acosta.** Residencia profesional, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2023). Análisis exploratorio y visualización de datos de operones en RegulonDB.
- **Israel Cigarrero Salgado.** Residencia profesional, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2023). Desarrollo de notebook en Rmarkdown para análisis de factores sigma e integración en portal web.
- **Alejandro Sánchez Santiago.** Servicio social, Universidad Politécnica del Estado de Morelos (2023).
- **Emanuel Pacheco Alberto.** Residencia profesional, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2024). Visualización de datos de genes en RegulonDB.
- **Hernández Marbán Alexis Gustavo.** Residencia profesional, Instituto Tecnológico de Zacatepec (2025). Desarrollo de RegulonExplorer para categorización y visualización de regiones reguladoras.

Docencia

La actividad docente se ha desarrollado de manera continua desde la década de 1990, incorporándose a la docencia universitaria en la UNAM en 2003 y participando de forma sistemática en la Licenciatura en Ciencias Genómicas desde 2005. La enseñanza se ha enfocado en bioinformática, programación y estadística aplicada, incorporando herramientas computacionales y, en años recientes, enfoques basados en inteligencia artificial para el análisis y despliegue de datos biológicos.

Docencia reciente (2022–2025)

- Introducción a la Bioinformática (Unix). Licenciatura en Ciencias Genómicas, UNAM. 2022–2025.
- Bioinformática y Estadística I (BioPython). Licenciatura en Ciencias Genómicas, UNAM. 2022–2025.
- Bioinformática y Estadística II. Licenciatura en Ciencias Genómicas, UNAM. 2022–2025.
- Principios de Estadística (Programación en Python). Licenciatura en Ciencias Genómicas, UNAM. 2022–2025.
- Bioinformática y Bioestadística II, módulo “IA: Capturando el Esfuerzo de Aprendizaje”. 2025.
- Bioinformática y Estadística I. ENES Unidad Juriquilla, UNAM. 2025.

Docencia de posgrado y cursos especializados (2003–2021)

Impartición de cursos en el Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas (UNAM) y talleres especializados en bioinformática, Unix, programación en Perl, análisis estadístico avanzado y escuelas de verano en bioinformática.

Difusión científica

Conferencias y participaciones por invitación

- Instructor de Taller: Marca Personal como Desarrollador de Software: Sitio Web y GitHub. Congreso Internacional en Tecnología, Innovación y Docencia (CITID 2023). 25–27 abril, 2023.
- Recomendaciones FAIR para el desarrollo de software científico o de acceso abierto. Congreso Internacional en Tecnología, Innovación y Docencia (CITID 2021). 20 mayo, 2021.
- Tecnologías sobre bases de datos para el acceso abierto y desarrollo colaborativo. Jornadas Académicas de Innovación, Tecnología, Liderazgo y Sostenibilidad 2019. Instituto Tecnológico de Zacatepec. 13 noviembre, 2019.
- RegulonDB: La historia de una base de datos que ha contribuido a la Bioinformática en México. Woman in Data Science 2019, Facultad de Ciencias, UNAM. 4 marzo, 2019.
- Workshop Molecular Systems Biology. Bielefeld, Alemania. 13 junio, 2006.
- School-Workshop on Computational Biology. CISM, Udine, Italia. 10–19 junio, 1998.

Divulgación científica (público no experto)

- **Salgado Osorio H.** *Armando el intrincado mapa de cómo se regulan los genes en una bacteria.* Biotecnología en Movimiento, núm. 40, 2025. ISSN: 2954-4718.

Desarrollo profesional y actualización académica (2024-2026)

Participación continua en programas de actualización en inteligencia artificial, desarrollo de software científico, innovación educativa y estándares de competencia, ordenados del más reciente al menos reciente:

- **Máster “Inteligencia Artificial para Desarrolladores (AI4Devs)”**, LIDR Academy (23 septiembre 2025 – 5 febrero 2026). Formación especializada en desarrollo de software con IA.
- **Gestión y visualización de datos con Google Cloud**, DGTIC–UNAM (6 noviembre 2025).
- **IA Generativa en la Educación**, 4º Encuentro de Círculos Temáticos de Innovación Educativa, CEIDE–UNAM (9 octubre 2025).
- **Proporcionar servicios de consultoría general (EC0249)**, ICEMÉXICO (15 septiembre 2025).
- **Alineaciones a Estándares de Competencia (EC0217.01 y EC0104)**, ICEMÉXICO (9 agosto 2025).

- **Capacitador Experto y Alineación al EC0301: Diseño de cursos de formación del capital humano**, ICEMÉXICO (junio 2025).
- **Taller: Semantic Kernel + PHI** y participación en el **1er Congreso Internacional de Inteligencia Artificial**, UNAM (abril 2025).
- **ChatGPT para líderes de proyecto**, DGTIC–UNAM (diciembre 2024).
- **2º Encuentro de Técnicos Académicos de la UNAM**, modalidad en línea (junio 2024).

Participación académica y colaboración en comunidad científica

Organización de eventos académicos

Participación como integrante del comité organizador y responsable del comité académico en eventos internacionales y nacionales de bioinformática y desarrollo de software científico, incluyendo:

- Talleres Internacionales de Bioinformática (2016–2018).
- Latin American R/Bioconductor Developers Workshop (2018).
- Encuentro de Bioinformática en México (2019).
- Software Carpentry Instructor Training (2017).
- UCSC Genome Browser Workshop (2017).

Evaluación académica y arbitraje

- Revisora para revistas internacionales como *Nucleic Acids Research*, *BMC Bioinformatics* y *BMC Genomics*.
- Evaluadora de proyectos en convocatorias CONACYT (2007–2022), incluyendo Estancias Posdoctorales por México y fondos de infraestructura.
- Evaluadora en convocatorias de Ciencia de Datos y Salud (2020).

Redes y comunidades científicas

- Miembro e instructora en **Software Carpentry Foundation**.
- Miembro de la **Red Mexicana de Bioinformática**.
- Integrante de la Comunidad de Desarrolladores de Software en Bioinformática.

Anexo curricular detallado

Premios y distinciones recibidas

Reconocimientos institucionales y académicos

- Reconocimiento al Mérito Universitario por 25 años ininterrumpidos de labor académica en la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) . Mayo 2024.
- Reconocimiento por 15 años de destacada labor docente en la Licenciatura en Ciencias Genómicas, UNAM. 29 de agosto de 2018.
- Premio Sor Juana Inés de la Cruz 2011, otorgado por la UNAM de México.

Evaluaciones y distinciones académicas nacionales

- Programa de Primas al Desempeño y Productividad del Personal Académico de Tiempo Completo (PRIDE), Nivel D, 2002 a la fecha.
- Programa PRIDE, Nivel C (ingreso inicial), 1999.
- Investigadora Nacional Nivel 1, Sistema Nacional de Investigadores (SNI-CONACYT), 2005–2023.
- Investigadora Honorífica, Sistema Estatal de Investigadores (SEI), Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Morelos (CCyTEM), 2009, 2011.

Promociones académicas en la UNAM

- Promoción a Técnica Académica Titular C, Tiempo Completo, UNAM 2017.
- Promoción a Técnica Académica Titular B, Tiempo Completo, UNAM 2013.
- Promoción y definitividad como Técnica Académica Titular A, Tiempo Completo, UNAM. 2001.

Certificaciones y acreditaciones en desarrollo de software

- Acreditación del Nivel 2 de madurez en capacidades de procesos para desarrollo de software (Norma NMX-I-059-NYCE), en el Programa de Genómica Computacional, fungiendo como responsable del proceso de Gestión de Proyectos. 25 de noviembre de 2011.
- Obtención del Nivel 1 en capacidades de procesos conforme a la Norma NMX-I-059-NYCE-2005, emitida por la Unidad de Verificación de Tecnologías de Información de Normalización y Certificación Electrónica A.C. 30 de junio de 2010.

I. INVESTIGACION

I.1. Producción primaria.

a) Artículos en revistas indizadas

1. Rosenblueth D.A., Thieffry D., Huerta A.M., **Salgado H.**, Collado-Vides J. Syntactic recognition of regulatory regions in *Escherichia coli*. *CABIOS*. 1996;12:415–422.
2. Thieffry D., Rosenblueth D.A., Huerta A.M., **Salgado H.**, Collado-Vides J. Definite-clause grammars for the analysis of cis-regulatory regions in *E. coli*. *Pac Symp Biocomput.* 1997;441–452.
3. Huerta A.M., **Salgado H.**, Thieffry D., Collado-Vides J. RegulonDB: a database on transcription regulation in *Escherichia coli*. *Nucleic Acids Res.* 1998;28:55–59.
4. Thieffry D., **Salgado H.**, Huerta A.M., Collado-Vides J. Prediction of transcriptional regulatory sites in the complete genome sequence of *Escherichia coli* K-12. *Bioinformatics.* 1998;14(5):391–400.
5. **Salgado H.**, Santos A., Garza-Ramos U., van Helden J., Diaz E., Collado-Vides J. RegulonDB (version 2.0): a database on transcriptional regulation in *Escherichia coli*. *Nucleic Acids Res.* 1999;27(1):59–60.
6. **Salgado H.**, Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Millán-Zárata D., Blattner F.R., Collado-Vides J. RegulonDB (version 3.0): transcriptional regulation and operon organization in *Escherichia coli* K-12. *Nucleic Acids Res.* 2000;28(1):65–67.

7. **Salgado H.**, Moreno-Hagelsieb G., Smith T.F., Collado-Vides J. Operons in *Escherichia coli*: genomic analyses and predictions. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2000;97(12):6652–6657.
8. **Salgado H.**, Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Millán-Zárte D., Díaz-Peredo E., Sánchez-Solano F., Pérez-Rueda E., Bonavides-Martínez C., Collado-Vides J. RegulonDB (version 3.2): transcriptional regulation and operon organization in *Escherichia coli* K-12. *Nucleic Acids Res*. 2001;29(1):72–74.
9. Martínez-Antonio A., **Salgado H.**, Gama-Castro S., Gutierrez-Rios R.M., Jimenez-Jacinto V., Collado-Vides J. Environmental conditions and transcriptional regulation in *Escherichia coli*: a physiological integrative approach. *Biotechnol Bioeng*. 2003;84(7):743–749.
10. Gonzalez V., Bustos P., Ramirez-Romero M.A., Medrano-Soto A., **Salgado H.**, Hernandez-Gonzalez I., Hernandez-Celis J.C., Quintero V., Moreno-Hagelsieb G., Girard L., Rodriguez O., Flores M., Cevallos M.A., Collado-Vides J., Romero D., Davila G. The mosaic structure of the symbiotic plasmid of *Rhizobium etli* CFN42 and its relation to other symbiotic genome compartments. *Genome Biol*. 2003;4(6):R36.
11. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Martínez-Antonio A., Diaz-Peredo E., Sanchez-Solano F., Peralta-Gil M., Garcia-Alonso D., Jimenez-Jacinto V., Santos-Zavaleta A., Bonavides-Martínez C., Collado-Vides J. RegulonDB (version 4.0): transcriptional regulation, operon organization and growth conditions in *Escherichia coli* K-12. *Nucleic Acids Res*. 2004;32(1):D303–D306.
12. Oviedo N.A., **Salgado H.**, Collado-Vides J., Guarneros G. Distribution of minigenes in the bacteriophage lambda chromosome. *Gene*. 2004;329:115–124.
13. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Diaz-Peredo E., Sanchez-Solano F., Santos-Zavaleta A., Martínez-Flores I., Jimenez-Jacinto V., Bonavides-Martínez C., Segura-Salazar J., Martínez-Antonio A., Collado-Vides J. RegulonDB (version 5.0): *Escherichia coli* K-12 transcriptional regulatory network, operon organization, and growth conditions. *Nucleic Acids Res*. 2006;34(Database issue):D394–D397.
14. **Salgado H.**, Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Peñaloza-Spinola M.I., Martínez-Antonio A., Karp P.D., Collado-Vides J. The comprehensive updated regulatory network of *Escherichia coli* K-12. *BMC Bioinformatics*. 2006;7:5.
15. Martínez-Antonio A., Janga S.C., **Salgado H.**, Collado-Vides J. Internal-sensing machinery directs the activity of the regulatory network in *Escherichia coli*. *Trends Microbiol*. 2006;14(1):22–27.
16. **Salgado H.**, Martínez-Antonio A., Janga S.C. Conservation of transcriptional sensing systems in prokaryotes: a perspective from *Escherichia coli*. *FEBS Lett*. 2007;581(18):3499–3506.
17. Janga S.C., **Salgado H.**, Collado-Vides J., Martínez-Antonio A. Internal versus external effector and transcription factor gene pairs differ in their relative chromosomal position in *Escherichia coli*. *J Mol Biol*. 2007;368(1):263–272.
18. Rodríguez-Penagos C., **Salgado H.**, Martínez-Flores I., Collado-Vides J. Automatic reconstruction of a bacterial regulatory network using Natural Language Processing. *BMC Bioinformatics*. 2007;8:293.
19. Janga S.C., **Salgado H.**, Martínez-Antonio A., Collado-Vides J. Coordination logic of the sensing machinery in the transcriptional regulatory network of *Escherichia coli*. *Nucleic Acids Res*. 2007;35(20):6963–6972.
20. Gama-Castro S., Jiménez-Jacinto V., Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Peñaloza-Spinola M.I., Contreras-Moreira B., Segura-Salazar J., Muñoz-Rascado L., Martínez-Flores I., **Salgado H.**, Bonavides-Martínez C., Abreu-Goodger C., Rodríguez-Penagos C., Miranda-Ríos J., Morett E., Merino E., Huerta A.M., Treviño-Quintanilla L., Collado-Vides J. RegulonDB (version 6.0): gene regulation model of *Escherichia coli* K-12 beyond transcription, active annotated promoters and Textpresso navigation. *Nucleic Acids Res*. 2007;36(Database issue):D120–D124.
21. Hernández-Lucas I., Gallego-Hernández A.L., Encarnación S., Fernández-Mora M., Martínez-Batallar A.G., **Salgado H.**, Oropeza R., Calva E. The LysR-type transcriptional regulator LeuO controls the expression of several genes in *Salmonella enterica* serovar Typhi. *J Bacteriol*. 2008;190(4):1659–1670.
22. Hernandez-Romano J., Carlos-Rivera F.J., **Salgado H.**, Lamadrid-Figueroa H., Valverde-Garduño V., Rodriguez M.H., Martínez-Barnetteche J. Immunity related genes in dipterans share common enrichment of AT-rich motifs in their 5' regulatory regions that are potentially involved in nucleosome formation. *BMC Genomics*. 2008;9:326.

23. Collado-Vides J., **Salgado H.**, Morett E., Gama-Castro S., Jiménez-Jacinto V., Martínez-Flores I., Medina-Rivera A., Muñoz-Rascado L., Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A. Bioinformatics resources for the study of gene regulation in bacteria. *J Bacteriol.* 2009;191(1):23–31.
24. Janga S.C., **Salgado H.**, Martínez-Antonio A. Transcriptional regulation shapes the organization of genes on bacterial chromosomes. *Nucleic Acids Res.* 2009;37(11):3680–3688.
25. Mendoza-Vargas A., Olvera L., Olvera M., Grande R., Vega-Alvarado L., Taboada B., Jimenez-Jacinto V., **Salgado H.**, Juárez K., Contreras-Moreira B., Huerta A.M., Collado-Vides J., Morett E. Genome-wide identification of transcription start sites, promoters and transcription factor binding sites in *E. coli*. *PLoS One.* 2009;4(10):e7526.
26. Medina-Rivera A., Abreu-Goodger C., Thomas-Chollier M., **Salgado H.**, Collado-Vides J., van Helden J. Theoretical and empirical quality assessment of transcription factor-binding motifs. *Nucleic Acids Res.* 2011;39(3):808–824.
27. Gama-Castro S., **Salgado H.**, Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Muñoz-Rascado L., Solano-Lira H., Jimenez-Jacinto V., Weiss V., García-Sotelo J.S., López-Fuentes A., Porrón-Sotelo L., Alquicira-Hernández S., Medina-Rivera A., Martínez-Flores I., Alquicira-Hernández K., Martínez-Adame R., Bonavides-Martínez C., Miranda-Ríos J., Huerta A.M., Mendoza-Vargas A., Collado-Torres L., Taboada B., Vega-Alvarado L., Olvera M., Olvera L., Grande R., Morett E., Collado-Vides J. RegulonDB version 7.0: transcriptional regulation of *Escherichia coli* K-12 integrated within genetic sensory response units (Gensor Units). *Nucleic Acids Res.* 2011;39(Database issue):D98–D105.
28. Pauling J., Röttger R., Neuner A., **Salgado H.**, Collado-Vides J., Kalaghatgi P., Azevedo V., Tauch A., Pühler A., Baumbach J. On the trail of EHEC/EAEC—unraveling the gene regulatory networks of human pathogenic *Escherichia coli* bacteria. *Integr Biol (Camb).* 2012;4(7):728–733.
29. **Salgado H.**, Peralta-Gil M., Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Muñoz-Rascado L., García-Sotelo J.S., Weiss V., Solano-Lira H., Martínez-Flores I., Medina-Rivera A., Salgado-Osorio G., Alquicira-Hernández S., Alquicira-Hernández K., López-Fuentes A., Porrón-Sotelo L., Huerta A.M., Bonavides-Martínez C., Balderas-Martínez Y.I., Pannier L., Olvera M., Labastida A., Jiménez-Jacinto V., Vega-Alvarado L., Del Moral-Chávez V., Hernández-Alvarez A., Morett E., Collado-Vides J. RegulonDB v8.0: omics data sets, evolutionary conservation, regulatory phrases, cross-validated gold standards and more. *Nucleic Acids Res.* 2013;41(D1):D203–D213.
30. Weiss V., Medina-Rivera A., Huerta A.M., Santos-Zavaleta A., **Salgado H.**, Morett E., Collado-Vides J. Evidence classification of high-throughput protocols and confidence integration in RegulonDB. *Database (Oxford).* 2013;2013:bas059.
31. Balderas-Martínez Y.I., Savageau M., **Salgado H.**, Pérez-Rueda E., Morett E., Collado-Vides J. Transcription factors in *Escherichia coli* prefer the holo conformation. *PLoS One.* 2013;8(6):e65723.
32. Martínez L.C., Martínez-Flores I., **Salgado H.**, et al. In silico identification and experimental characterization of regulatory elements controlling the expression of the *Salmonella* *csrB* and *csrC* genes. *J Bacteriol.* 2014;196(2):325–336.
33. Gama-Castro S., **Salgado H.**, Santos-Zavaleta A., Ledezma-Tejeida D., Muñoz-Rascado L., García-Sotelo J.S., Alquicira-Hernández K., Martínez-Flores I., Pannier L., Castro-Mondragón J.A., Medina-Rivera A., Solano-Lira H., Bonavides-Martínez C., Pérez-Rueda E., Alquicira-Hernández S., Porrón-Sotelo L., López-Fuentes A., Hernández-Koutoucheva A., Del Moral-Chávez V., Rinaldi F., Collado-Vides J. RegulonDB version 9.0: high-level integration of gene regulation, coexpression, motif clustering and beyond. *Nucleic Acids Res.* 2016;44(D1):D133–D143.
34. Martínez-Flores I., Pérez-Morales D., Sánchez-Pérez M., Paredes C.C., Collado-Vides J., **Salgado H.**, Bustamante V.H. In silico clustering of *Salmonella* global gene expression data reveals novel genes co-regulated with the SPI-1 virulence genes through HilD. *Sci Rep.* 2016;6:37858.
35. Pérez-Morales D., Banda M.M., Chau N.Y.E., **Salgado H.**, Martínez-Flores I., Ibarra J.A., Ilyas B., Coombes B.K., Bustamante V.H. The transcriptional regulator SsrB is involved in a molecular switch controlling virulence lifestyles of *Salmonella*. *PLoS Pathog.* 2017;13(7):e1006497.
36. **Salgado H.**, Martínez-Flores I., Bustamante V.H., Alquicira-Hernández K., García-Sotelo J.S., García-Alonso D., Collado-Vides J. Using RegulonDB, the *Escherichia coli* K-12 gene regulatory transcriptional network database. *Curr Protoc Bioinformatics.* 2018;61(1):1.32.1–1.32.30.

37. Santos-Zavaleta A., Sánchez-Pérez M., **Salgado H.**, Velázquez-Ramírez D.A., Gama-Castro S., Tierrafría V.H., Busby S.J.W., Aquino P., Fang X., Palsson B.O., Galagan J.E., Collado-Vides J. A unified resource for transcriptional regulation in *Escherichia coli* K-12 incorporating high-throughput-generated binding data into RegulonDB version 10.0. *BMC Biol.* 2018;16(1):91.
38. Tierrafría V.H., Mejía-Almonte C., Camacho-Zaragoza J.M., **Salgado H.**, Alquicira K., Gama-Castro S., Ishida C., Collado-Vides J. MCO: towards an ontology and unified vocabulary for a framework-based annotation of microbial growth conditions. *Bioinformatics.* 2018;34(19):3310–3312.
39. Santos-Zavaleta A., **Salgado H.**, Gama-Castro S., Sánchez-Pérez M., Gómez-Romero L., Ledezma-Tejeda D., García-Sotelo J.S., Alquicira-Hernández K., Muñoz-Rascado L.J., Peña-Loredo P., Ishida-Gutiérrez C., Velázquez-Ramírez D.A., Del Moral-Chávez V., Bonavides-Martínez C., Méndez-Cruz C.F., Galagan J., Collado-Vides J. RegulonDB v10.5: tackling challenges to unify classic and high throughput knowledge of gene regulation in *E. coli* K-12. *Nucleic Acids Res.* 2018;47(D1):D212–D220.
40. □ Díaz-Rodríguez M., Lithgow-Serrano O., Guadarrama-García F., Tierrafría V.H., Gama-Castro S., Solano-Lira H., **Salgado H.**, Rinaldi F., Méndez-Cruz C.F., Collado-Vides J. Lisen&Curate: a platform to facilitate gathering textual evidence for curation of regulation of transcription initiation in bacteria. *Biochim Biophys Acta Gene Regul Mech.* 2021;1864(11–12):194753.
41. □ Tierrafría V.H., Rioualen C., **Salgado H.**, Lara P., Gama-Castro S., Lally P., Gómez-Romero L., Peña-Loredo P., López-Almazo A.G., Alarcón-Carranza G., Betancourt-Figueroa F., Alquicira-Hernández S., Polanco-Morelos J.E., García-Sotelo J., Gaytan-Nuñez E., Méndez-Cruz C.F., Muñoz L.J., Bonavides-Martínez C., Moreno-Hagelsieb G., Galagan J.E., Wade J.T., Collado-Vides J. RegulonDB 11.0: comprehensive high-throughput datasets on transcriptional regulation in *Escherichia coli* K-12. *Microb Genom.* 2022;8(5):mgen000833.
42. □ Lara P., Gama-Castro S., **Salgado H.**, Rioualen C., Muñoz-Rascado L.J., García-Sotelo J.S., Tierrafría V.H., Collado-Vides J. A gold standard for transcription factor–gene regulatory interactions in *Escherichia coli* K-12: architecture of the evidence types. *bioRxiv.* 2023. Preprint.
43. □ **Salgado H.**, Gama-Castro S., Lara P., Mejía-Almonte C., Alarcón-Carranza G., López-Almazo A.G., Betancourt-Figueroa F., Peña-Loredo P., Alquicira-Hernández S., Ledezma-Tejeda D., Arizmendi-Zagal L., Méndez-Hernandez F., Diaz-Gomez A.K., Ochoa-Praxedis E., Muñoz-Rascado L.J., García-Sotelo J.S., Flores-Gallegos F.A., Gómez L., Bonavides-Martínez C., Del Moral-Chávez V.M., Hernández-Alvarez A.J., Santos-Zavaleta A., Capella-Gutierrez S., Gelpi J.L., Collado-Vides J. RegulonDB v12.0: a comprehensive resource of transcriptional regulation in *E. coli* K-12. *Nucleic Acids Res.* 2023;51(Database issue):D146–D154.
44. Lara P., Gama-Castro S., **Salgado H.**, Rioualen C., Tierrafría V.H., Muñoz-Rascado L.J., Bonavides-Martínez C., Collado-Vides J. Flexible gold standards for transcription factor regulatory interactions in *Escherichia coli* K-12: architecture of evidence types. *Front Genet.* 2024;15:1353553.

a.1) Agradecimiento en artículos en revistas indizadas

1. Gralla J.D., Collado-Vides J. Organization and function of transcriptional regulatory elements. In: Neidhardt F.C. et al., editors. *Escherichia coli and Salmonella: Cellular and Molecular Biology.* 2nd ed. 1994:1232–1245.
2. Collado-Vides J. Some ideas towards a grammatical model of the sigma 54 bacterial promoters. *Proceedings of the First International Symposium on Intelligence in Neural and Biological Systems.* IEEE Computer Society Press; 1995:46–53.
3. Collado-Vides J., Magasanik B., Smith T.F., editors. *Integrative Approaches to Molecular Biology.* MIT Press; 1996.
4. Blattner F.R., Plunkett G. III, Bloch C.A., Perna N.T., Burland V., Riley M., Collado-Vides J., Glasner J.D., Rode C.K., Mayhew G., Gregor J., Davis N.W., Kirkpatrick H.A., Goeden M.A., Rose D.J., Mau B., Shao Y. The complete genome sequence of *Escherichia coli* K-12. *Science.* 1997;277:1453–1462.

5. Thieffry D., Huerta A.M., Pérez-Rueda E., Collado-Vides J. Characterization of transcriptional regulatory network of *Escherichia coli*. *Bioessays*. 1998.
6. McClelland M., Sanderson K.E., Spieth J., Clifton S.W., Latreille P., Courtney L., Porwollik S., Ali J., Dante M., Du F., Hou S., Layman D., Leonard S., Nguyen C., Scott K., Holmes A., Grewal N., Mulvaney E., Ryan E., Sun H., Florea L., Miller W., Stoneking T., Nhan M., Waterston R., Wilson R.K. Complete genome sequence of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium LT2. *Nature*. 2001;413:852–856.
7. Martínez-Antonio A., Collado-Vides J. Identifying global regulators in transcriptional regulatory networks in bacteria. *Curr Opin Microbiol*. 2003;6:482–489.
8. Gutiérrez-Ríos R.M., Rosenblueth D.A., Loza J.A., Huerta A.M., Glasner J.D., Blattner F.R., Collado-Vides J. Regulatory network of *Escherichia coli*: consistency between literature knowledge and microarray profiles. *Genome Res*. 2003;13:2435–2443.
9. Riley M., Abe T., Arnaud M.B., Berlyn M.K., Blattner F.R., Chaudhuri R.R., Glasner J.D., Horiuchi T., Keseler I.M., Kosuge T., Mori H., Perna N.T., Plunkett G. III, Rudd K.E., Serres M.H., Thomas G.H., Thomson N.R., Wishart D., Wanner B.L. *Escherichia coli* K-12: a cooperatively developed annotation snapshot—2005. *Nucleic Acids Res*. 2006;34(1):1–9.
10. Martínez-Antonio A., Lomnitz J.G., Sandoval S., Aldana M., Savageau M.A. Regulatory design governing progression of population growth phases in bacteria. *PLoS One*. 2012;7(2):e30654.
11. Mejía-Almonte C., Busby S.J.W., Wade J.T., van Helden J., Arkin A.P., Stormo G.D., Eilbeck K., Pálsson B.O., Galagan J.E., Collado-Vides J. Redefining fundamental concepts of transcription initiation in bacteria. *Nat Rev Genet*. 2020;21(11):699–714.

I.2.Otros productos

a) Libros Editados.

b) Capítulos en libros.

1. Thieffry D., Rosenblueth D.A., Huerta A.M., **Salgado H.**, Collado-Vides J. Definite-clause grammars for the analysis of cis-regulatory regions in *E. coli*. In: Altman R., Dunker K., Hunter L., Klein T., editors. *Proceedings of the Pacific Symposium on Biocomputing 1997*. World Scientific; 1996:441–452.
2. Collado-Vides J., Moreno-Hagelsieb G., Pérez-Rueda E., **Salgado H.**, Huerta A.M., Gutiérrez R.M., Rosenblueth D.A., Christen A., Benítez-Bellón E., Medrano-Soto A., Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Bonavides-Martínez C., Díaz-Peredo E., Sánchez-Solano F., Millán D.M. Genomics of gene regulation: the view from *Escherichia coli*. In: Collado-Vides J., Hofestadt R., editors. *Gene Regulation and Metabolism: Post-Genomic Computational Approaches*. MIT Press.
3. Rodríguez-Penagos C., **Salgado H.**, Martínez-Flores I., Collado-Vides J. NLP-based curation of bacterial regulatory networks. In: Gelbukh A., editor. *CICLing 2007*. Lecture Notes in Computer Science, vol 4394. Springer; 2007:575–586.
4. Santos-Zavaleta A., **Salgado H.**, Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Contreras-Moreira B., Peñaloza-Spínola M.I., Collado-Vides J. RegulonDB: the most important database in transcriptional regulatory network, operon organization and growth conditions of *Escherichia coli* K-12. In: Proceedings of the Fifth International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure; 2007.
5. **Salgado H.**, Martínez-Flores I., López-Fuentes A., García-Sotelo J., Porrón-Sotelo L., Solano H., Muñiz-Rascado L., Collado-Vides J. Extracting regulatory networks of *Escherichia coli* from RegulonDB. In: Thieffry D., van Helden J., Toussaint A., editors. *Bacterial Molecular Networks: Methods and Protocols*. Methods Mol Biol. 2012;804:179–195. Humana Press.

c) Artículos en memorias.

d) Otras publicaciones científicas

e) NUMERO DE CITAS A LOS TRABAJOS PUBLICADOS:

Citas (sin autocitas) a la fecha de todas sus publicaciones: 4,047

Citas recibidas en el año de todos sus trabajos publicados (2025) : 140

f) Presentaciones en congresos por invitación (internacionales y nacionales).

1. **Instructor de Taller:** *Marca Personal como Desarrollador de Software: Sitio Web y GitHub*. Congreso Internacional en Tecnología, Innovación y Docencia (CITID 2023). Tecnológico Nacional de México – Instituto Tecnológico de Zacatepec. 25–27 de abril de 2023.
2. *Recomendaciones FAIR para el desarrollo de software científico o de acceso abierto*. Congreso Internacional en Tecnología, Innovación y Docencia (CITID 2021). Tecnológico Nacional de México – Instituto Tecnológico de Zacatepec. 20 de mayo de 2021.
3. *Tecnologías sobre bases de datos para el acceso abierto y desarrollo colaborativo*. Jornadas Académicas de Innovación, Tecnología, Liderazgo y Sostenibilidad 2019. Tecnológico Nacional de México – Instituto Tecnológico de Zacatepec. 13 de noviembre de 2019.
4. *RegulonDB: La historia de una base de datos que ha contribuido a la Bioinformática en México*. Woman in Data Science 2019. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. 4 de marzo de 2019.
5. Workshop Molecular Systems Biology. Bielefeld, Alemania. 13 de junio de 2006.
6. School-Workshop on Computational Biology. CISM, Udine, Italia. 10–19 de junio de 1998.

g) Presentaciones libres en congresos (internacionales y nacionales).

1. Thieffry D., Pérez-Rueda E., Solís H., Domínguez V., Huerta A., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *Theoretical analysis of E. coli regulatory network*. Schloss Dagstuhl Seminar on Modelling and Simulation of Metabolic Regulation and Cell Differentiation. Saarbrücken, Alemania. Octubre de 1995.
2. Thieffry D., Pérez-Rueda E., Solís H., Domínguez V., Huerta A., **Salgado H.**, Hernández T., Link D., Collado-Vides J. *Computational and theoretical integration of gene regulatory data*. North-South America Conference on Biotechnology. Cuernavaca, México. Noviembre de 1995.
3. Thieffry D., Pérez-Rueda E., Solís H., Domínguez V., Huerta A., **Salgado H.**, Hernández T., Link D., Collado-Vides J. *Integration of gene regulatory data: application to E. coli and S. cerevisiae*. 2nd Internet World Congress on Biomedical Science. Mie University School of Medicine, Japón. Diciembre de 1995.
4. Thieffry D., Pérez-Rueda E., Huerta A., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *Gene regulation in E. coli: data compilation and modelling*. International Symposium on Theoretical and Computational Genome Research. Heidelberg, Alemania. Marzo de 1996.
5. Thieffry D., Pérez-Rueda E., Huerta A., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *E. coli gene regulatory network: connectivity and feedback circuit analysis*. Society of Mathematical Biology Annual Meeting. Seattle, EUA. Agosto de 1996.
6. Collado-Vides J., Huerta A., **Salgado H.**, Thieffry D. *Computational aspects of regulation of transcription*. Fourth International E. coli and Small Genomes Meeting. UCLA Arrowhead Center, California, EUA. 8–12 de septiembre de 1996.
7. Thieffry D., Pérez-Rueda E., Huerta A., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *Theoretical analysis of E. coli regulatory network*. 3rd European Conference on Mathematics Applied to Biology and Medicine. Heidelberg, Alemania. Octubre de 1996.
8. Thieffry D., Rosenblueth D.A., Huerta A.M., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *Definite-clause grammars for the analysis of cis-regulatory regions in E. coli*. Pacific Symposium on Biocomputing 1997. Hawaii, EUA. Enero de 1997.

9. Collado-Vides J., **Salgado H.**, Huerta A.M., Thieffry D. *Analysis of regulatory features of transcription initiation in the complete genome of Escherichia coli*. Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB-97). Halkidiki, Grecia. Junio de 1997.
10. Huerta A.M., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *Computational recognition in the complete genome of Escherichia coli*. FASEB Conference “Transcription Initiation in Prokaryotes”. Vermont, EUA. Julio de 1997.
11. Collado-Vides J., **Salgado H.**, Huerta A.M., Thieffry D. *Regulatory features of transcription initiation in the complete genome of Escherichia coli*. Bacterial and Phage Molecular Genetics Meeting. Madison, Wisconsin, EUA. Agosto de 1997.
12. **Salgado H.**, Huerta A.M., Thieffry D., Collado-Vides J. *Operons, promoters, and regulatory binding sites of transcription initiation in the complete genome of Escherichia coli K-12*. E. coli and Small Genomes Meeting. Snowbird, Utah, EUA. 12–15 de octubre de 1997.
13. **Salgado H.**, Huerta A.M., Santos-Zavaleta A., Garza-Ramos U., Collado-Vides J. *RegulonDB: a database on transcriptional regulation in Escherichia coli*. International Workshop: The Linguistic of Biology and the Biology of Language. Cuernavaca, México. 23–27 de marzo de 1998.
14. Huerta A.M., van Helden J., **Salgado H.**, Del Moral V.C. *Web tools developed in the Laboratory of Computational Biology*. International Workshop: The Linguistic of Biology and the Biology of Language. Cuernavaca, México. 23–27 de marzo de 1998.
15. Collado-Vides J., Blattner F., Smith T.F., Huerta A.M., Moreno-Hagelsieb G., Pérez-Rueda E., **Salgado H.** *The complete repertoire of regulators and operons in Escherichia coli K-12: comparisons between literature knowledge and transcriptome experiments*. Paris, Francia. 2000.
16. Gama-Castro S., Martínez-Antonio A., Gutiérrez-Ríos R.M., **Salgado H.**, Peñaloza-Spínola M.I., Santos-Zavaleta A., Collado-Vides J. *Regulatory network of transcriptional regulation in Escherichia coli*. ISMB. Canadá. Agosto de 2002.
17. **Salgado H.**, Sánchez-Solano F., Díaz-Peredo E., Gama-Castro S., García-Alonso D., Pérez-Rueda E., Jiménez-Jacinto V., Medrano-Soto A., Moreno-Hagelsieb G., Collado-Vides J. *From RegulonDB to a multigenomic microbial database of operon organization and gene regulation*. ISMB. Canadá. Agosto de 2002.
18. Collado-Vides J., **Salgado H.**, Moreno-Hagelsieb G., Medrano-Soto A. *E. coli lessons in closely related microbial genomes*. International Symposium on Evolutionary and Comparative Genomics. Puerto Vallarta, México. 1–3 de noviembre de 2002.
19. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Martínez-Antonio A., Díaz-Peredo E., Sánchez-Solano F., Hernández M., Santos-Zavaleta A., Jiménez-Jacinto V., Collado-Vides J. *From RegulonDB to a prokaryotic multigenome in silico environment*. Human Genome Meeting (HGM 2003). Cancún, México. 27–30 de abril de 2003.
20. **Salgado H.**, Gutiérrez-Ríos R.M., Martínez-Antonio A., Collado-Vides J. *From RegulonDB to the analysis of transcriptional regulatory systems*. First IECA Conference on Systems Biology of E. coli. Tsuruoka, Japón. Junio de 2004.
21. Santos-Zavaleta A., **Salgado H.**, Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Díaz-Peredo E., Sánchez-Solano F., Martínez-Antonio A., Bonavides-Martínez C., Jiménez-Jacinto V., García-Alonso D., Collado-Vides J. *From RegulonDB to a prokaryotic multigenome in silico environment*. FASEB Summer Research Conferences: Mechanisms & Regulation of Prokaryotic Transcription. Vermont, EUA. 18–23 de junio de 2005.
22. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Díaz-Peredo E., Sánchez-Solano F., Santos-Zavaleta A., Martínez-Flores I., Jiménez-Jacinto V., Bonavides-Martínez C., Segura-Salazar J., Peñaloza-Spínola M.I., Contreras-Moreira B., Martínez-Antonio A., Collado-Vides J. *RegulonDB (version 5.0): Escherichia coli K-12 transcriptional regulatory network, operon organization, and growth conditions*. 1st International Biocurator Meeting. Pacific Grove, California, EUA. 8–11 de diciembre de 2005.
23. Rodríguez-Penagos C., Martínez-Flores I., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *NLP-based curation of bacterial regulatory networks*. CICLing 2007. Ciudad de México, México. Febrero de 2007.
24. Reyes-Pérez A., Hernández-Ortiz M., Contreras S., Martínez-Batallar A.G., Vargas-Lagunas M.C., Salazar-Bustamante E., **Salgado H.**, Encarnación S.M. *Análisis mediante proteómica y transcriptómica de*

- la formación de biofilms en Rhizobium etli CE3*. II Simposio Mexicano de Espectrometría de Masas, Proteómica Celular y Molecular. Guanajuato, México. Noviembre de 2007.
25. Medina-Rivera A., Abreu-Goodger C., **Salgado H.**, Collado-Vides J., van Helden J. *A comprehensive repertoire of protein-DNA interaction models in the Escherichia coli genome*. 4th International E. coli Alliance Conference on Systems Biology. 22–27 de septiembre de 2008.
 26. Balderas-Martínez Y.I., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *Mecanismos de la regulación transcripcional: sistemas inducibles y reprimibles en Escherichia coli K-12*. XXVII Congreso Nacional de Bioquímica. Mérida, México. 16–21 de noviembre de 2008.
 27. **Salgado H.**, Jiménez-Jacinto V., Muñoz-Rascado L.J., Solano-Lira H., Martínez-Flores I., Bonavides-Martínez C., Alquicira-Hernández S., García-Sotelo J.S., Porrón-Sotelo L., López-Fuentes A., del Moral-Chávez V., Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Collado-Vides J. *RegulonDB: retos y estrategias en el modelado de la regulación genética con una perspectiva genómica*. Reunión Académica 2009. CCG-UNAM. Cuernavaca, México. 18–20 de noviembre de 2009.
 28. **Salgado H.**, Jiménez-Jacinto V., Muñoz-Rascado L.J., Solano-Lira H., Martínez-Flores I., Bonavides-Martínez C., Alquicira-Hernández S., García-Sotelo J.S., Porrón-Sotelo L., López-Fuentes A., del Moral-Chávez V., Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Collado-Vides J. *RegulonDB: challenges and strategies for modeling genetic regulation within a genomic perspective*. International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009. Quintana Roo, México. 26–29 de octubre de 2009.
 29. Balderas-Martínez Y.I., Santos-Zavaleta A., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *The necessity of clarifying concepts and terms related to transcriptional regulation in bacteria*. International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009. Quintana Roo, México. 26–29 de octubre de 2009.
 30. Balderas-Martínez Y.I., **Salgado H.**, Ascencio-Montiel I., Collado-Vides J. *Functional classification of transcription units based on inducible and repressible systems of Escherichia coli K-12*. Workshop: Bacterial Regulatory Networks. Universidad Internacional de Andalucía. Baeza, España. 12–14 de noviembre de 2009.
 31. Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Jiménez-Jacinto V., Bonavides-Martínez C., Muñoz-Rascado L.J., Solano-Lira H., Huerta A.M., Medina-Rivera A., **Salgado H.**, Martínez-Flores I., Morett E., Keseler I.M., Collado-Vides J. *RegulonDB: a new window of the genetic regulation of Escherichia coli K-12*. International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009. Quintana Roo, México. 26–29 de octubre de 2009.
 32. Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Jiménez-Jacinto V., Bonavides-Martínez C., Muñoz-Rascado L.J., Solano-Lira H., Huerta A.M., Medina-Rivera A., **Salgado H.**, Martínez-Flores I., Morett E., Keseler I.M., Collado-Vides J. *RegulonDB: the computationally modeled bioinformatic platform available to systems and integrative studies of the E. coli K-12 regulatory repertoire*. 3rd International Biocuration Conference. Berlín, Alemania. 2009.
 33. Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Peralta-Gil M., Weiss V., **Salgado H.**, Muñoz-Rascado L.J., Solano-Lira H., Martínez-Flores I., Bonavides-Martínez C., Jiménez-Jacinto V., Collado-Vides J. *Vías de regulación de la expresión genética de Escherichia coli K-12 en RegulonDB*. Reunión Interna del CCG-UNAM 2009. Cuernavaca, México. Noviembre de 2009.
 34. Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Peralta-Gil M., Weiss V., **Salgado H.**, Solano-Lira H., Collado-Vides J. *Information on transcriptional regulation and signal transduction of Escherichia coli K-12 integrated in the database RegulonDB*. Fourth International Biocuration Conference. Tokio, Japón. 11–14 de octubre de 2010.
 35. Solano-Lira H., Martínez-Flores I., **Salgado H.**, López-Fuentes A., García-Sotelo J.S., Muñoz-Rascado L.J., Alquicira-Hernández K., Porrón-Sotelo L., Alquicira-Hernández S., Salgado-Osorio G., del Moral-Chávez V., Collado-Vides J. *DrawingTracesTool: herramienta de dibujo de elementos genéticos*. Reunión Académica 2010. CCG-UNAM. Cuernavaca, México. Diciembre de 2010. (Poster).
 36. Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Peralta-Gil M., **Salgado H.**, Solano-Lira H., García-Sotelo J.S., Alquicira-Hernández K., Porrón-Sotelo L., Alquicira-Hernández S., Collado-Vides J. *Genetic sensory response units (Gensor Units) en RegulonDB*. Reunión Académica 2010. CCG-UNAM. Cuernavaca, México. Diciembre de 2010.

37. **Salgado H.**, Salgado-Osorio G., Martínez-Flores I., Solano-Lira H., López-Fuentes A., Alquicira-Hernández S., Porrón-Sotelo L., del Moral-Chávez V., García-Sotelo J.S., Martínez-Adame R., Alquicira-Hernández K., Muñiz-Rascado L.J., Collado-Vides J. *Implantación del Modelo de Procesos para la Industria del Software (MoProSoft) en el Programa de Genómica Computacional*. Reunión Académica 2010. CCG-UNAM. Cuernavaca, México. Diciembre de 2010.
38. Gama-Castro S., **Salgado H.**, Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Muñiz-Rascado L.J., Solano-Lira H., Martínez-Flores I., Bonavides-Martínez C., Jiménez-Jacinto V., Collado-Vides J., et al. *RegulonDB versión 7.0*. Reunión Académica 2010. CCG-UNAM. Cuernavaca, México. Diciembre de 2010. (Poster).
39. Collado-Vides J., Salgado-Osorio G., **Salgado H.**, Solano-Lira H., García-Sotelo J.S., Porrón-Sotelo L., Alquicira-Hernández S., Alquicira-Hernández K., Martínez-Flores I., Hernández P., Grupo AMBAR. *Proyecto de vinculación entre el Programa de Genómica Computacional y Grupo AMBAR para el desarrollo de servicios web de RegulonDB*. Reunión Académica 2010. CCG-UNAM. Cuernavaca, México. Diciembre de 2010.
40. Martínez-Flores I., **Salgado H.**, Bustamante V.H., Collado-Vides J. *STM-RegulonDB: una base de datos de la regulación genética de Salmonella enterica serovar Typhimurium*. Reunión Académica 2010. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México.
41. Balderas-Martínez Y.I., **Salgado H.**, Pérez-Rueda E., Collado-Vides J. *Transcriptional regulation in Escherichia coli K-12 is preferentially mediated by transcription factors in holo conformation*. Reunión Académica 2010. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México.
42. Medina-Rivera A., Abreu-Goodger C., Thomas-Chollier M., Salgado-Osorio H., Collado-Vides J., van Helden J. *Theoretical and empirical quality assessment*. Reunión Académica 2010. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México.
43. Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Weiss V., **Salgado H.**, Solano-Lira H., García-Sotelo J.S., Alquicira-Hernández K., Alquicira-Hernández S., Porrón-Sotelo L., Collado-Vides J. *Genetic Sensory Response Units (Gensor Units) in RegulonDB*. Congreso IECA. Cancún, México. Diciembre 2011. (Poster).
44. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Muñiz-Rascado L.J., Martínez-Flores I., Solano-Lira H., Weiss V., García-Sotelo J.S., Porrón-Sotelo L., Alquicira-Hernández S., Medina-Rivera A., Alquicira-Hernández K., Martínez-Adame R., Salgado-Osorio G., López-Fuentes A., del Moral-Chávez V., Bonavides-Martínez C., Jiménez-Jacinto V., Collado-Torres L., Keseler I.M., Morett E., Collado-Vides J. *RegulonDB version 7.2*. Congreso IECA. Cancún, México. Diciembre 2011. (Poster).
45. Balderas-Martínez Y.I., **Salgado H.**, Pérez-Rueda E., Collado-Vides J. *Strongly biased active holo-conformation of transcription factors in the Escherichia coli regulatory network*. Congreso IECA. Cancún, México. Diciembre 2011. (Poster).
46. Medina-Rivera A., van Helden J., Gama-Castro S., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *Footprint-scan: detecting conservation of regulatory interactions inside Gensor Units*. Congreso IECA. Cancún, México. Diciembre 2011. (Poster).
47. Castro-Mondragón J.A., Medina-Rivera A., **Salgado H.**, Contreras-Moreira B., van Helden J., Collado-Vides J. *Novel computational predictions of regulons based on the observed autoregulation of the network*. Congreso IECA. Cancún, México. Diciembre 2011. (Poster).
48. Santos-Zavaleta A., Peralta-Gil M., Gama-Castro S., Weiss V., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *RegulonDB: toward a complete view of the cell regulatory knowledge*. 5th International Biocuration Conference. Washington, DC, USA. 2–4 de abril 2012. (Poster).
49. Peralta-Gil M., Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., **Salgado H.**, Collado-Vides J. *Annotation of degenerated transcription factor binding sites in Escherichia coli K-12*. 5th International Biocuration Conference. Washington, DC, USA. 2–4 de abril 2012. (Poster).
50. Solano-Lira H., **Salgado H.**, Alquicira-Hernández K., Alquicira-Hernández S., García-Sotelo J.S., López-Fuentes A., Martínez-Flores I., Muñiz-Rascado L.J., Porrón-Sotelo L., Salgado-Osorio G., Collado-Vides J. *DrawingTracesTool: herramienta de dibujo de elementos genéticos*. Encuentro de Innovación en Tecnologías de Información y Comunicaciones UNAM-CONCAMIN. Ciudad de México. 27 de septiembre de 2013. (Presentación).

51. **Salgado H.**, Collado-Vides J. *RegulonDB database*. Encuentro de Innovación en Tecnologías de Información y Comunicaciones UNAM-CONCAMIN. Ciudad de México. 27 de septiembre de 2013. (Presentación).
52. García-Sotelo J.S., Alquicira-Hernández K., Alquicira-Hernández S., Solano-Lira H., Porrón-Sotelo L., Martínez-Flores I., **Salgado H.**, Salgado-Osorio G., Gutiérrez G., Collado J. *CONOGASI v2.0: sistema web para la generación de contribuciones*. Reunión Académica 2014. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 8–10 de diciembre de 2014.
53. Salgado-Osorio G., **Salgado H.**, Alquicira-Hernández S., García-Sotelo J.S., Solano-Lira H., Martínez-Flores I., Porrón-Sotelo L., Alquicira-Hernández K., Muñoz-Rascado L.J., Collado-Vides J. *Modelos de procesos como estrategia de mejora en el desarrollo de proyectos en el PGC*. Reunión Académica 2014. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 8–10 de diciembre de 2014.
54. Martínez-Flores I., Bustamante V.H., **Salgado H.**, Balderas-Martínez Y.I., López-Fuentes A., Alquicira-Hernández K. *STM-RegulonDB: base de conocimiento de regulación transcripcional de Salmonella Typhimurium*. Reunión Académica 2014. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 8–10 de diciembre de 2014.
55. Martínez-Flores I., Bustamante V.H., **Salgado H.** *Análisis global del papel de los RNAs pequeños como factores de regulación en Escherichia coli K-12*. Reunión Académica 2014. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 8–10 de diciembre de 2014.
56. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Muñoz-Rascado L.J., García-Sotelo J.S., Solano-Lira H., Alquicira-Hernández K., Alquicira-Hernández S., Porrón-Sotelo L., Salgado-Osorio G., Bonavides-Martínez C., del Moral-Chávez V., Collado-Vides J. *Impacto y evolución de RegulonDB*. Reunión Académica 2014. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 8–10 de diciembre de 2014.
57. Collado-Vides J., Santos-Zavaleta A., Gama-Castro S., Sánchez-Pérez M., **Salgado H.**, Solano-Lira H., Bonavides-Martínez C., Muñoz-Rascado L.J., Rinaldi F. *RegulonDB, a tool to decipher the regulation of bacterial complexity*. The 8th International Biocuration Conference: From Big Data to Big Discovery. Beijing, China. 23–26 de abril de 2015.
58. Martínez-Flores I., **Salgado H.**, Pérez-Morales D., Collado-Vides J., Sánchez-Pérez M., Bustamante V.H. *Identification of new possible virulence genes by clustering techniques applied to Salmonella gene expression data*. SolBio International Conference 2016: Bioinformatics and Computational Biology for Innovative Genomics. Cancún, México.
59. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Muñoz-Rascado L.J., García-Sotelo J.S., Alquicira-Hernández K., Ledezma-Tejeida D., Martínez-Flores I., Pannier L., Castro-Mondragón J.A., Alquicira-Hernández S., López-Fuentes A., Medina-Rivera A., Solano-Lira H., Bonavides-Martínez C., Pérez-Rueda E., Porrón-Sotelo L., del Moral-Chávez V., Collado-Vides J. *RegulonDB v9.0: high-level integration of gene regulation, coexpression, motif clustering and beyond*. SolBio International Conference 2016: Bioinformatics and Computational Biology for Innovative Genomics. Cancún, México.
60. Solano-Lira H., Gama-Castro S., Rinaldi F., Muñoz-Rascado L.J., **Salgado H.**, Bonavides-Martínez C., del Moral-Chávez V., Collado-Vides J. *Advances of digital curation in RegulonDB*. SolBio International Conference 2016: Bioinformatics and Computational Biology for Innovative Genomics. Cancún, México.
61. **Salgado H.**, Gama-Castro S., Santos-Zavaleta A., Muñoz-Rascado L.J., García-Sotelo J.S., Alquicira-Hernández K., Ledezma-Tejeida D., Martínez-Flores I., Pannier L., Castro-Mondragón J.A., Alquicira-Hernández S., López-Fuentes A., Medina-Rivera A., Solano-Lira H., Bonavides-Martínez C., Pérez-Rueda E., Porrón-Sotelo L., del Moral-Chávez V., Collado-Vides J. *RegulonDB v9.0: high-level integration of gene regulation, coexpression, motif clustering and beyond*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.
62. Martínez-Flores I., **Salgado H.**, Pérez-Morales D., Collado-Vides J., Sánchez-Pérez M., Bustamante V.H. *Identification of new possible virulence genes by clustering techniques applied to Salmonella gene expression data*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.
63. **Salgado H.**, Salgado-Osorio G., Alquicira-Hernández S., Moreno-Hagelsieb G., García-Sotelo J.S., Collado-Vides J. *Repositorio Institucional de Conocimiento Genómico*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.

64. **Salgado H.**, Alquicira-Hernández K., Martínez-Posada G., Alquicira-Hernández S., García-Sotelo J.S., García-Alonso D., Olarte-Gervacio L., Palomares D., Peña-Loredo P., Salgado-Osorio G., Collado-Vides J. *Rediseño de RegulonDB y estrategias de posicionamiento con la Web 2.0*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.
65. Olarte-Gervacio L., **Salgado H.**, Alquicira-Hernández K., Alquicira-Hernández S., Solano-Lira H., Collado-Vides J. *DrawingTraces Tool versión 2.0*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.
66. Salgado-Osorio G., **Salgado H.**, Alquicira-Hernández S., Porrón-Sotelo L., Collado-Vides J. *Modelos de procesos como estrategia de mejora en el desarrollo de proyectos en el PGC*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.
67. Zayas-Lagunas R., **Salgado H.**, Martínez-Flores I., Hernández-Álvarez A., Gutiérrez-Ríos R., Sánchez-Pérez M., Bonavides-Martínez C., Vinuesa P., Alquicira-Hernández S., Fernández-Valverde S., Medina-Rivera A., Gama-Castro S., Santamaría R., Collado-Vides J. *Nodo Nacional de Bioinformática, EMBNet-México: historia y perspectivas*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.
68. Camacho-Zaragoza M., Gama-Castro S., Mejía-Almonte C., Tierrafría V.H., **Salgado H.**, Engelen K., Collado-Vides J. *Ontología de condiciones de crecimiento que afectan la expresión genética en Escherichia coli*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.
69. Lithgow O., Rinaldi F., Gama-Castro S., Solano-Lira H., Arteaga-Domínguez J., Díaz-Rodríguez M.J., Muñiz-Rascado L.J., Méndez-Cruz C.F., Collado-Vides J. *A text-mining infrastructure for curation and navigation in L-RegulonDB*. Reunión Académica del CCG 2016. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 5–7 de diciembre de 2016.
70. Gama-Castro S., Valencia-Estudillo L.F., Alarcón-Carranza G., **Salgado H.**, Méndez-Cruz C.F., Lithgow-Serrano O., Bonavides-Aguilar A., Lara P., Flores-Gallegos F., Bonavides-Martínez C., Collado-Vides J. *Developing a Generative AI Assistant for RegulonDB: enhancing data on Escherichia coli K-12 transcriptional regulation*. XXXIV Congreso Nacional de Bioquímica. Mazatlán, Sinaloa, México. 20–25 de octubre de 2024.
71. Lara P., Gama-Castro S., Flores-Gallegos F., Bonavides-Martínez C., **Salgado H.**, Alarcón-Carranza G., López-Almazo A., Betancourt-Figueroa F., Mejía-Almonte C., Collado-Vides J. *The evolution of RegulonDB: HT and AI-driven curation, refined signal loop analysis in Gensor Units, and expansion to pathogenic Escherichia coli*. Reunión Académica 2025. CCG-UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 28 de noviembre de 2025.

h) Seminarios impartidos dentro del CCG (indicar título del seminario y fecha).

1. **Salgado H.** *RegulonDB: una base de datos para la investigación de la bacteria Escherichia coli*. Visita de estudio del Instituto Tecnológico de Zacatepec (carrera de Informática). CCG-UNAM. 15 de abril de 2010.
2. **Salgado H.** *Uso e importancia de los sistemas gestores de bases de datos en el área de la ciencia y la investigación*. Dirigido a alumnos del CONALEP Temixco. CCG-UNAM. 21 de junio de 2012.
3. **Salgado H.** *Base de datos RegulonDB*. Visita de estudio del Instituto Tecnológico de Zacatepec (carrera de Informática). CCG-UNAM. 2 de mayo de 2014.

i) Seminarios impartidos fuera del CCG (indicar título del seminario, institución y fecha).

1. **Salgado H.** *Bioinformática*. X Semana Cultural de la Preparatoria Loyola. Cuernavaca, Morelos, México. 25 de octubre de 2001.
2. **Salgado H.** *La ingeniería de software en la investigación*. CECyTE Emiliano Zapata. 29 de mayo de 2003.

3. **Salgado H.** *RegulonDB and the challenges of modelling for the mechanisms of regulation beyond transcription initiation*. Workshop on Molecular Systems Biology. Bielefeld, Alemania. 13 de junio de 2006.
4. **Salgado H.** *Servicios web en bioinformática*. Simposio Multidisciplinario Académico, Instituto Tecnológico de Zacatepec. Zacatepec, Morelos, México. 23–27 de marzo de 2009.
5. **Salgado H.** *Bioinformática: bases de datos biológicas*. Seminario FIBIO 1-2021. Universidad Autónoma de Querétaro, Campus Amazcala. 18 de febrero de 2021.

j) Participación en la obtención de Donativos a proyectos de investigación.

1. DGAPA–UNAM, PAPIIT IN210810. *STM-RegulonDB: una base de datos de la regulación genética de Salmonella enterica serovar Typhimurium*. Donativo de renovación PAPIIT, 2010. **Participación como Técnica Académica.**
2. DGAPA–UNAM, PAPIIT IN207813. *STM-RegulonDB: base de conocimiento de regulación transcripcional de Salmonella Typhimurium*. Donativo PAPIIT 2013–2015. **Participación como Técnica Académica.**
3. DGAPA–UNAM, PAPIIT (2015). *Regulación de genes ancestrales por el sistema de dos componentes SsrA/B: un mecanismo de evolución de la patogenicidad de Salmonella enterica*. Responsable: Dr. Víctor Humberto Bustamante Santillán. **Participación como Técnica Académica.**
4. National Institutes of Health (NIH), USA (2015–2018). *High-Throughput Literature Curation of Genetic Regulation in Bacterial Models*. **Participación como Técnica Académica.**
5. Secretaría de Economía–CONACYT, Fondo Sectorial de Innovación (FINNOVA), ID 239611 (2015). *Enciclopedia de Métodos y Procesos: prototipo inicial de Ciencias Genómicas*. Proyecto aprobado. **Participación como Técnica Académica.**
6. DGAPA–UNAM, PAPIIT IF202226 (2026–2027). *Plataforma de asistentes conversacionales para investigación y formación académica basada en IA generativa*. Proyecto interdisciplinario de desarrollo tecnológico e innovación. **Responsable del proyecto.**
7. DGAPA–UNAM, PAPIIT IN214126 (2026–2028). *Conocimiento de calidad para un modelo latente de la regulación microbiana*. Responsable: Dr. Julio Collado-Vides. **Participación como Técnica Académica Titular C**, responsable del desarrollo de asistentes de IA y del despliegue de conocimiento en RegulonDB.

k) Convenios para investigación aplicada o convenios de transferencia de tecnología o patentes.

1. *Red de Innovación en Servicios Bioinformáticos*. Convenio de colaboración Grupo AMBAR–UNAM para el desarrollo de servicios bioinformáticos potencialmente comercializables.
2. *Red de Innovación para la Gestión del Conocimiento Basado en Ontologías*. Proyecto de innovación y vinculación tecnológica. Enero–diciembre de 2013.

II. DOCENCIA Y FORMACION DE RECURSOS HUMANOS

II.1. Estudiantes graduados

1. Tesis de Licenciatura. Díaz-Peredo E. Instituto Tecnológico de Zacatepec.
2. Codirección de Tesis de Maestría. Muñiz-Rascado L.J. Instituto Tecnológico de Zacatepec. 2008.
3. Estadía de Licenciatura. Martínez R. Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Creación de un catálogo de protocolos (workflows) en bioinformática*. Enero–agosto de 2008.
4. Estadía y Tesis de Licenciatura. Porrón-Sotelo L. Universidad Tecnológica. *TF sites and TF-regulated genes*. Mayo–diciembre de 2008.
5. Estadía y Tesis de Licenciatura. Alquicira-Hernández S. Universidad Tecnológica. *Web service OperonInfo*. Mayo–diciembre de 2008.

6. Estadía y Tesis de Licenciatura. Ivette A. Universidad Tecnológica. *Web service TFInfo*. Mayo–diciembre de 2008.
7. Estancia de Licenciatura. Muñiz-Rascado A.P. Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Creación y evaluación de web services y workflows para el entrenamiento de matrices*. 12 de agosto–12 de diciembre de 2009.
8. Estancia de Licenciatura. Galindo-Barrios M.C. Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Desarrollo de servicios web y workflows para la automatización de la identificación de regulones en Salmonella Typhimurium*. 17 de agosto–17 de diciembre de 2009.
9. Tesis de Licenciatura. Martínez-Guerrero E.I. Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Bacterial Genome Browser*. Agosto–noviembre de 2010.
10. Tesis de Maestría. Hernández-Camacho A. Maestría en Tecnologías de la Información y Comunicaciones, Universidad Politécnica del Valle de México. *Sistema para la automatización de overviews de factores sigma y sRNA en Escherichia coli*. 2012.
11. Tesis de Maestría. Alquicira-Hernández S. Maestría en Tecnologías de la Información y Comunicación, Universidad Politécnica del Estado de Morelos. *Base de conocimiento para la gestión de información del Programa de Genómica Computacional (PGC)*. 29 de mayo de 2015.
12. Estancia. Peña-Loredo P.E. Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Búsqueda, selección e integración de un API o herramienta para la representación gráfica del mapa circular del genoma de Escherichia coli K-12 en el portal de RegulonDB*. Junio de 2016.
13. Estancia. Olarte-Gervacio L. Instituto Tecnológico de Zacatepec. *DrawingTracesTool v3.0: herramienta para el dibujado de elementos genéticos en HTML5*. Diciembre de 2016.
14. Servicio Social. Palomares D. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. *NetworkTool v1.0: despliegue gráfico e interactivo de las redes de regulación en RegulonDB*. 2016.
15. Tesis de Licenciatura. Olarte-Gervacio L. Instituto Tecnológico de Zacatepec. *API para el despliegue dinámico de los elementos genéticos en el DNA en la página de genes de la base de datos RegulonDB*. 2018.
16. Tesis de Licenciatura. Peña-Loredo P.E. Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Búsqueda, selección e integración de un API o herramienta para la representación gráfica del mapa circular del genoma de Escherichia coli K-12 en el portal de RegulonDB*. 2018–2019.

II.2. Tutorías directas y alumnos en estancias vigentes:

1. Residencia Profesional (Licenciatura). Olarte-Gervacio L. Instituto Tecnológico de Zacatepec. 20 de enero–13 de junio de 2016.
2. Residencia Profesional (Licenciatura). Peña-Loredo P. Instituto Tecnológico de Zacatepec. 1 de agosto–16 de diciembre de 2016.
3. Tesis de Licenciatura. Palomares-Lagunas D. Facultad de Contaduría, Administración e Informática, Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UAEM). *Despliegue gráfico e interactivo de las redes de regulación en RegulonDB*. Agosto de 2016.
4. Residencia Profesional (Licenciatura). Lima-Cantú F.J. Instituto Tecnológico de Zacatepec. 12 de febrero–20 de junio de 2018.
5. Residencia Profesional (Licenciatura). Alarcón-Carranza G. Instituto Tecnológico de Zacatepec. 20 de agosto de 2018–21 de enero de 2019.
6. Residencia Profesional (Licenciatura). Moreno-Alonso D. Instituto Tecnológico de Zacatepec. Agosto–diciembre de 2020.
7. Residencia Profesional (Licenciatura). Betancourt-Figueroa F. Instituto Tecnológico de Zacatepec. Agosto–diciembre de 2020.
8. Residencia Profesional (Licenciatura). Rojas-Gallardo A.R. Instituto Tecnológico de Zacatepec. Agosto–diciembre de 2020.
9. Residencia Profesional (Licenciatura). Corrales-Sánchez J.L. Instituto Tecnológico de Zacatepec. Agosto–diciembre de 2020.
10. Residencia Profesional (Licenciatura). Piña-Acosta D. Ingeniería en Sistemas Computacionales, Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Análisis exploratorio y visualización de datos de operones de RegulonDB*. 5 de enero–24 de mayo de 2023.

11. Residencia Profesional (Licenciatura). Cigarrero-Salgado I. Ingeniería en Sistemas Computacionales, Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Desarrollo de un notebook en RMarkdown para el análisis de datos de factores sigma y su integración en el portal web de RegulonDB*. 5 de enero–24 de mayo de 2023.
12. Servicio Social. Sánchez-Santiago A. Universidad Politécnica del Estado de Morelos (UPEMOR). Cuernavaca, Morelos, México. Enero–junio de 2023.
13. Residencia Profesional (Licenciatura). Pacheco-Alberto E. Ingeniería en Sistemas Computacionales, Instituto Tecnológico de Zacatepec. *Análisis exploratorio y visualización de datos de genes de RegulonDB*. 8 de enero–28 de junio de 2024.
14. Estancia académica (Residencia Profesional, Licenciatura). Hernández-Marbán A.G. Ingeniería en Sistemas Computacionales, Instituto Tecnológico de Zacatepec. *RegulonExplorer: herramienta de categorización, selección y visualización de regiones reguladoras*. 1 de febrero–30 de junio de 2025. Supervisión: Heladia Salgado.

II.3. Participación como miembro de Comités Tutorales.

II.4. Asesoría de Servicio Social.

1. **Servicio Social.** Palomares-Lagunas D. Facultad de Contaduría, Administración e Informática, Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UAEM). *GensorUnits v2.0*. Febrero–julio de 2016.

II.5. Cursos, Talleres o Tópicos Selectos impartidos.

I. Formación y experiencia inicial en computación y bioinformática (1993–2003)

- Instructora de cursos de computación. Centro Regional No. 21 microSEP (Instituto Tecnológico de Zacatepec). Mayo 1993–julio 1994.
- Instructora de cursos de computación. Instituto Lingüístico Americano de Computación. Julio 1994–enero 1995.
- Cursos especializados en bases de datos y análisis de secuencias (BLAST y FASTA), CINVESTAV-IPN (1997, 1998).
- Cursos de análisis de secuencias de ADN y herramientas bioinformáticas (Universidad de Guadalajara, 1997).
- Cursos de Redes de Computadoras e Introducción a los algoritmos, UAEM (1998–1999).
- Introducción a la Bioinformática, Licenciatura en Ciencias Genómicas (2003).
- Curso propedéutico en Bioinformática, Doctorado en Ciencias Biomédicas, CIFN–UNAM (2003).

II. Docencia en Licenciatura en Ciencias Genómicas (UNAM)

- Bioinformática y Estadística II
Impartida en múltiples ocasiones entre 2009 y 2024 (incluye semestres 2009, 2010, 2012, 2013, 2016–2019, 2021–2024).
- Bioinformática y Estadística I
Impartida entre 2010 y 2024 (incluye integración de módulos en Ingeniería de Software, Servicios Web y BioPython).
- Bioinformática y Bioestadística II (módulo IA: “Capturando el Esfuerzo de Aprendizaje”) 2025. Profesora invitada (8 horas).
- Principios de Estadística (Programación en Python)
Impartida de manera continua entre 2022 y 2025.
Profesora responsable en 2025 (20 horas).
- Programación práctica con Python
2020.
- Introducción a la Bioinformática (Unix)
Impartida entre 2022 y 2025.
Profesora responsable en 2025 (56 horas).

- Computación II y III
Licenciatura en Ciencias Genómicas, 2005–2008.
- Bioinformática y Estadística I
Licenciatura en Ciencias Genómicas, ENES Unidad Juriquilla, UNAM.
2025 (Profesora responsable, 60 horas).

III. Docencia en Posgrado

Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas, UNAM

- Bioinformática y estadística avanzada. Impartida entre 2012 y 2017.
- Introducción a Unix aplicado a la Bioinformática. Impartida en 2011, 2015–2016 y 2022.
- Principios de programación en Perl, 2011.
- Aplicaciones bioinformáticas y bioestadísticas avanzadas, 2012.
- Actividad académica ad hoc: Alcances y limitaciones de métodos para la evaluación de la coexpresión génica (2013).

IV. Talleres nacionales e internacionales

- Escuela de Verano en Bioinformática (UNAM, Juriquilla): 2015, 2016, 2018.
- Talleres Internacionales de Bioinformática (CCG–UNAM): 2012, 2017.
- Taller NGS: Genómica Funcional – Transcriptómica (2017).
- Seminario Entre Pares (CONRICyT–BUAP): Introducción a UNIX y R (2018).
- Encuentro de Bioinformática en México: Programación con Python (2019).
- Taller sobre gestión de proyectos (2018).

V. Formación docente y certificaciones

- **Carpentries Instructor Training**
The Carpentries Community, 2023.

III. INTERCAMBIO ACADEMICO

a) Posdoctorales e Investigadores Visitantes Internacionales (bajo su responsabilidad)

b) Asistencias a eventos nacionales o internacionales.

- *International Conference & Meetings EMBnet-RIBio 2009*. Paradisus Riviera Cancún Resort, Puerto Morelos (Mayan Riviera), Quintana Roo, México. 26–29 de octubre de 2009.
- *Reunión Académica 2009*. Centro de Ciencias Genómicas (CCG), UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. 18–20 de noviembre de 2009.
- *Reunión Académica 2010*. Centro de Ciencias Genómicas (CCG), UNAM. Cuernavaca, Morelos, México. Diciembre de 2010.
- *5th IECA Conference 2011: Gene Regulatory Networks in the Enterobacteriaceae*. Cancún, México. Diciembre de 2011.
- *Encuentro de Innovación en Tecnologías de Información y Comunicaciones UNAM–CONCAMIN*. Ciudad de México, México. 27 de septiembre de 2013.
- *Talleres Internacionales de Bioinformática 2014*. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM). Cuernavaca, Morelos, México. 13–24 de enero de 2014. Evento organizado por el Nodo Nacional de Bioinformática (NNB–UNAM), la Sociedad Iberoamericana de Bioinformática (SOIBio), con apoyo del CCG–UNAM, IBt–UNAM, LCG–UNAM, Facultad de Medicina UAEM, SICyT Morelos y EMBnet.
- *Reunión Académica 2014 del CCG*. Centro de Ciencias Genómicas (UNAM). Cuernavaca, Morelos, México. Diciembre de 2014.

- *Talleres Internacionales de Bioinformática 2016*. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM). Cuernavaca, Morelos, México. Evento organizado por el Nodo Nacional de Bioinformática (NNB–UNAM), SOIBio y EMBnet.
- *Reunión Académica 2016 del CCG*. Centro de Ciencias Genómicas (UNAM). Cuernavaca, Morelos, México. Diciembre de 2016.
- *Seminario: Repositorios Institucionales y su interoperabilidad con el Repositorio Nacional*. InfoTec. Ciudad de México, México. 17–19 de agosto de 2016.
- *Simposio Internacional del 20 Aniversario de la Licenciatura en Ciencias Genómicas*. UNAM. 30 de agosto–1 de septiembre de 2023.
- *2º Encuentro de Técnicos Académicos de la UNAM*. 6–7 de junio de 2024.
- *1er Congreso Internacional de Inteligencia Artificial: retos y oportunidades*. Congreso académico UNAM (modalidad a distancia). 7–11 de abril de 2025.

c) Visitas o estancias académicas realizadas (internacionales y nacionales)

d) Intercambio con investigadores visitantes al CCG (internacionales y nacionales).

e) Cursos de superación o actualización recibidos dentro o fuera del Centro.

I. Tecnologías de información y bases de datos (1994–2000)

- *Sun@Universum 1994. Interfaces: de Mosaic a Realidad Virtual*. Ciudad de México. 16–17 de noviembre de 1994.
- *MacWorld Exposition 1995*. IDG Comunicaciones. World Trade Center, Ciudad de México. 19–21 de septiembre de 1995.
- *Introducción a las Bases de Datos Relacionales*. DGSCA–UNAM. 18–27 de junio de 1997.
- *TRANSAC-SQL*. DGSCA–UNAM. 2–11 de julio de 1997.
- *Computational Biology Course*. Centre International des Sciences Mécaniques (CISM). Udine, Italia. 10–19 de junio de 1998.
- Formación especializada en tecnologías Oracle (1999):
 - Introducción a Oracle: SQL y PL/SQL
 - SQL Avanzado y SQL*Plus
 - Desarrollo de Unidades de Programación PL/SQL
 - Developer/2000 (Formas y Reportes)
 - Administración de Oracle Web Application Server v3.0
 - Desarrollo de aplicaciones Web con Oracle
- *IDevelop 2000 Oracle*. Ciudad de México. 21–22 de noviembre de 2000.
- *IDevelop 2001 Oracle*. Ciudad de México. 27 de agosto de 2001.

II. Formación en ciencias biológicas y genómicas

- Regulación Transcripciona (oyente). CIFN–UNAM.
- Biología Molecular (Oyente). CIFN–UNAM.
- Bacteriología Molecular (Oyente). CIFN–UNAM. Agosto–diciembre de 1999.
- Curso propedéutico de introducción a la bioquímica. CIFN–UNAM. Enero–julio de 2001.
- *Winter School in Genomics 2006*. CCG–UNAM. 7–10 de febrero de 2006.
- *UCSC Genome Browser Workshop*. Nodo Nacional de Bioinformática, CCG–UNAM. 6 de octubre de 2017.
- *Ensamble y clasificación taxonómica de metagenomas*. Unidad de Análisis Bioinformáticos, CCG–UNAM. 10–11 de octubre de 2022.

III. Ingeniería de software y modelos de procesos (MoProSoft)

Nivel 1 – 2010 (JPE Consultores, Cuernavaca, Morelos)

Formación integral en modelo MoProSoft, incluyendo:

- Introducción al modelo
- Gestión de negocio
- Gestión de procesos
- Gestión de recursos
- Gestión de recursos humanos y ambiente de trabajo
- Gestión del conocimiento organizacional
- Gestión de proyectos
- Administración de proyectos específicos
- Desarrollo y mantenimiento de software

Periodo: 9 de enero–27 de febrero de 2010.

- *Taller: Estimación de tiempos y costos de proyectos de software.* 7 de mayo de 2010.

Nivel 2 – 2011 (JPE Consultores, Cuernavaca, Morelos)

Formación avanzada en:

- Gestión de negocio
- Gestión de procesos
- Gestión de proyectos
- Gestión de recursos
- Gestión de recursos humanos
- Gestión del conocimiento organizacional
- Desarrollo y mantenimiento de software

Periodo: junio–agosto de 2011.

IV. Desarrollo tecnológico y herramientas modernas

- Arquitectura Orientada a Servicios (SOA). DIGITEC. 31 agosto–14 diciembre 2010.
- Java. sis.net Sistemas en Internet. 31 agosto–14 diciembre 2010.
- UML (Lenguaje Unificado de Modelado). sis.net. 31 agosto–14 septiembre 2010.
- Introducción a Angular v5. Nodo Nacional de Bioinformática, CCG–UNAM. 22–26 enero 2018.
- Introducción a MongoDB. Red Universitaria de Colaboración en Ingeniería de Software y Bases de Datos, UNAM. 12 mayo–30 junio 2023.
- Gestión y visualización de datos con Google Cloud. Seminario TIC, DGTIC–UNAM. 6 noviembre 2025.

V. Formación pedagógica y actualización docente

- Curso de Redacción. CIFN–UNAM. 25 agosto–6 noviembre 2003.
- Curso-Taller Planeación Didáctica. Universidad La Salle. 25 abril–7 mayo 2011 (25 horas).
- Introducción al uso de OBS y seguridad en Zoom. UNAM. 26 agosto 2021.
- IA Generativa en la Educación. CEIDE–UNAM. 9 octubre 2025.
- Carpentries Instructor Trainer. 31 marzo–2 junio 2023.

VI. Inteligencia Artificial y desarrollo con IA (2023–2026)

- Introducción a la Inteligencia Artificial. CCG–UNAM. 9 febrero–20 abril 2023.
- ChatGPT para líderes de proyecto. DGTIC–UNAM. 10 diciembre 2024.
- Taller: Semantic Kernel + PHI. 1er Congreso Internacional de IA, UNAM. 8 abril 2025.
- Máster AI4Devs: IA para desarrolladores. LIDR Academy. 23 septiembre 2025–5 febrero 2026.

VII. Certificaciones y alineación a estándares de competencia

ICEMÉXICO (A distancia, 2025):

- Alineación al EC0301: Diseño de cursos de formación del capital humano.
- Alineación al EC0217.01.
- Alineación al EC0104.
- Proporcionar servicios de consultoría general (EC0249).

- Capacitador Experto.

IV. DIFUSION O DIVULGACION DE LA CIENCIA

a) Organización de eventos.

- *Talleres Internacionales de Bioinformática 2016*. Integrante del Comité Organizador y Responsable del Comité Académico. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. Evento organizado por el Nodo Nacional de Bioinformática (NNB–UNAM), la Sociedad Iberoamericana de Bioinformática (SOIBio), el CCG–UNAM y EMBnet.
- *Talleres Internacionales de Bioinformática – Invierno 2017*. Integrante del Comité Organizador y Responsable del Comité Académico. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. Enero de 2017. Organizado por NNB–UNAM, SOIBio, CCG–UNAM y EMBnet.
- *Talleres Internacionales de Bioinformática – Verano 2017*. Integrante del Comité Organizador y Responsable del Comité Académico. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. Julio de 2017. Organizado por NNB–UNAM, SOIBio, CCG–UNAM y EMBnet.
- *Software Carpentry Instructor Training Workshop 2017*. Integrante del Comité Organizador y Responsable del Comité Académico. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. 7–8 de agosto de 2017. Organizado por NNB–UNAM, Software Carpentry Foundation y EMBnet.
- *UCSC Genome Browser Workshop 2017*. Integrante del Comité Organizador y Académico. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. 6 de octubre de 2017. Organizado por NNB–UNAM y EMBnet.
- *Talleres Internacionales de Bioinformática 2018*. Integrante del Comité Organizador y Responsable del Comité Académico. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. Organizado por NNB–UNAM, EMBnet, SOIBio y CCG–UNAM.
- *Latin American R/Bioconductor Developers Workshop 2018*. Integrante del Comité Organizador y Responsable del Comité Académico. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. 30 de julio–3 de agosto de 2018. Organizado por la Comunidad de Desarrolladores de Software en Bioinformática y el NNB–UNAM (EMBnet), en colaboración con el CCG–UNAM y la Licenciatura en Ciencias Genómicas.
- *Encuentro de Bioinformática en México 2019*. Integrante del Comité Organizador y Académico. Centro de Ciencias Genómicas (CCG–UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. 29 de julio–9 de agosto de 2019. Organizado por el NNB–UNAM (EMBnet), el CCG–UNAM, la Licenciatura en Ciencias Genómicas, la Comunidad de Desarrolladores de Software en Bioinformática y la Red Mexicana de Bioinformática.

b) Participación en Redes.

- Software Carpentry Foundation (2017–a la fecha). Miembro activo, participando en el mantenimiento y desarrollo de materiales formativos en Bioinformática.
- Red Mexicana de Bioinformática (2018–2023). Miembro.

c) Organización de eventos dirigidos a no expertos

- *La bioinformática y las tecnologías para el manejo de datos*. Evento dirigido a estudiantes del Instituto Tecnológico de Zacatepec. Centro de Ciencias Genómicas (UNAM), Cuernavaca, Morelos, México. 17 de octubre de 2018.

- *Graficación y Programación en Python*. Evento organizado en colaboración con csv,conf,v8 y la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP). Puebla, México. 27–28 de mayo, 2024.
- *Iniciación a la Bioinformática*. Software Carpentry Workshop (modalidad en línea). 29 de febrero–1 de marzo de 2024.

d) Presentaciones en eventos dirigidos a no expertos

- *RegulonDB: A Database on Transcriptional Regulation*. School-Workshop on Computational Biology, CISM. Udine, Italia. 10–19 de junio de 1998.
- *Base de datos en la Web con Sybase*. Segunda Semana Académica 1998, Instituto Tecnológico de Zacatepec. Zacatepec, Morelos, México. 3–6 de noviembre de 1998.
- *Bioinformática*. VIII Semana Cultural de la Preparatoria Loyola. Cuernavaca, Morelos, México. 22 de mayo de 2000.
- *Bioinformática*. X Semana Cultural de la Preparatoria Loyola. Cuernavaca, Morelos, México. 25 de octubre de 2001.
- *La ingeniería de software en la investigación*. CECyTE Emiliano Zapata. 29 de mayo de 2003.
- *RegulonDB and the challenges of modelling for the mechanisms of regulation beyond transcription initiation*. Workshop Molecular Systems Biology. Bielefeld, Alemania. 13 de junio de 2006.
- *Servicios web en bioinformática*. Simposio Multidisciplinario Académico, Instituto Tecnológico de Zacatepec. Zacatepec, Morelos, México. 23–27 de marzo de 2009.
- *Arquitectura para unificar el conocimiento clásico y de alto rendimiento de la regulación genética en RegulonDB*. Evento: La bioinformática y las tecnologías para el manejo de datos. Centro de Ciencias Genómicas (UNAM). 17 de octubre de 2018.
- *Enhancing Data on E. coli K-12 Transcriptional Regulation: Developing a Generative AI Assistant for Scientific Curation*. Swedish Bioinformatics Workshop (SBW2024). 4–7 de noviembre de 2024.
- *RegulonDB v13.0: A Comprehensive Resource of Transcriptional Regulation in E. coli K-12*. Reunión Académica 2024, Centro de Ciencias Genómicas (UNAM). 20–21 de noviembre de 2024.

e) Publicaciones y presentaciones para los no expertos en medios

- Salgado Osorio, H. (2025). *Armando el intrincado mapa de cómo se regulan los genes en una bacteria*. **Biotecnología en Movimiento**, núm. 40. ISSN: 2954-4718. Disponible en: <https://biotecmov.ibt.unam.mx/numeros/40/5.html>

f) Servicios.

V. PARTICIPACION EDITORIAL Y EVALUADORA

a) Participación editorial en revistas

b) Participación de los académicos en arbitrajes en revistas de prestigio internacional

- BMC Genomics. Revisor de manuscrito. Marzo de 2008.
- BMC Bioinformatics. Revisor de manuscrito. 2009.
- Nucleic Acids Research. Revisor de manuscrito. 2010.
- BMC Bioinformatics (Online ISSN: 1460-2059; Print ISSN: 1367-4803). Revisor de manuscrito. 2018.

c) Participación en evaluación de donativos

- CONACYT – Fondo Mixto de Investigación Científica y Tecnológica CONACYT–Gobierno del Estado de Veracruz. Evaluador de proyectos. Convocatoria 2007-01. Junio de 2007.
- CONACYT – Convocatoria de Investigación Científica Básica 2007. Evaluador de proyectos. Periodo marzo–junio de 2008 (evaluación realizada en agosto de 2008).
- CONACYT – Sistema de Fondos (Fondo I0017), Convocatoria CB-2014-01. Evaluador. Agosto de 2014.
- CONACYT – Proyectos de Infraestructura. Evaluador. 19 de abril de 2016.
- CONACYT – Fondo S0025, Convocatoria S0025-2016-02. Evaluador. Septiembre de 2017.
- CONACYT – Convocatoria Ciencia de Datos y Salud 2020. Dirección de Investigación Científica Aplicada, Dirección Adjunta de Desarrollo Científico. Evaluador de dos proyectos. 16 de junio de 2020.
- CONACYT – Convocatoria Estancias Posdoctorales por México 2021. Evaluador de cinco proyectos. Julio–diciembre de 2021.
- CONACYT – Convocatoria Estancias Posdoctorales por México 2022. Evaluador. Noviembre de 2022.

f) Sociedades Científicas o redes a las que pertenece (nacionales e internacionales).

1. Software Carpentry Foundation. Maintainer e instructora certificada. <https://software-carpentry.org/>
2. Comunidad de Desarrolladores de Software en Bioinformática (red nacional) <http://www.comunidadbioinfo.org/>
3. Grupo de Interés de la Ingeniería en Ciencias Computacionales del Instituto Tecnológico de Zacatepec (ITZ). : <http://www.itzacatepec.edu.mx/>

VI. OTRA INFORMACION RELEVANTE.

a) Registro de desarrollos tecnológicos

DRAWINGTRACESTOOL: Herramienta de dibujo de elementos genéticos.

Tipo de obra: Programa de computación.

Titular: Universidad Nacional Autónoma de México (con fundamento en el Artículo 83 de la Ley Federal del Derecho de Autor).

Número de registro: 03-2013-062511471600-01.

Autores: Shirley Alquicira Hernández, Kevin Alquicira Hernández, Jair Santiago García Sotelo, Alejandra Cristina López Fuentes, Irma Martínez Flores, Luis José Muñoz Rascado, Liliana Porrón Sotelo, Gerardo Salgado Osorio, Heladia Salgado Osorio, Pedro Julio Collado Vides y Hilda Solano Lira.