

Universidad Nacional de San Agustín
VICE RECTORADO ACADÉMICO
SILABO

CODIGO DEL CURSO: CB309

1 Datos Generales	FACULTAD : Ingeniería de Producción y Servicios					
	DEPARTAMENTO : Ingeniería de Sistemas e Informática			ESCUELA : Ciencia de la Computación		
	PROFESOR :					
	TÍTULO :					
	ASIGNATURA : Computación Molecular Biológica					
	PREREQUISITO: CS315		CREDITOS: 4		Año: 2010-1	
				Sem: 9 ^{no} Semestre.		
Horario		Lun	Mar	Mie	Jue	Vie
Total Semanal						Sáb
Aula						
				Total Horas: 2 HT;		
				2 HT 2 HP 2 HL		

2 Exposición de Motivos El uso de métodos computacionales en las ciencias biológicas se ha convertido en una de las herramientas más importantes en el campo de la biología molecular, y éstas actualmente son usadas como parte crítica en sus diversas aplicaciones en biología molecular relativas tanto al ADN como al análisis de proteínas. El estudio del genoma humano, por ejemplo, depende fundamentalmente de la biología molecular computacional. Los problemas de ésta área son realmente complejos y con conjuntos enormes de datos. Este curso aborda los fundamentos para ejemplificar algunos tópicos de Fundamentos de Programación (PF) y Algoritmos y Complejidad Computacional al Computing Curricula 2001.

- 2 Objetivo**
- Interpretar problemas biológicos haciendo uso de técnicas computacionales.
 - Analizar e implementar algoritmos y estructuras aplicables al campo de la biología.

	Objetivos Específicos	Contenidos
3 Contenido Temático 3 Conceptos Introdutorios (0 horas)	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Identificación de los conceptos básicos en Biología Molecular ▪ Reconocimiento de problemas clásicos en Biología Molecular y su representación en el campo computacional ▪ Aprendizaje de las herramientas de software e Internet clásicas para el campo de Bioinformática ▪ Introducción a los conceptos necesarios en manejo de Cadenas, Grafos y su representación algorítmica a fin de transformar problemas biológicos al tipo computacional 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Introducción a la Biología Molecular ▪ Conceptos básicos de Biología Molecular ▪ Problemas clásicos de Biología Molecular ▪ Herramientas de software e Internet clásicas para el campo de Bioinformática ▪ Recursos de Internet para BLAST ▪ Cadenas de Markov <p>[3], [2], [1]</p>

	Objetivos Específicos	Contenidos
3 Alineamiento de Secuencias (0 horas)	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Reconocimiento de las técnicas básicas usadas en el alineamiento de secuencias ▪ Implementación de los diversos algoritmos de comparación de secuencias ▪ Introducción a la programación dinámica ▪ Introducción y comparativa entre métodos heurísticos y exactos ▪ Métodos probabilísticos: PAM 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Introducción al alineamiento de secuencias ▪ Comparación de pares de secuencias ▪ Alineamiento de Secuencias Globales ▪ Alineamiento de Secuencias Múltiples ▪ Cadenas ocultas de Markov ▪ Métodos exactos, aproximados, heurísticos del alineamiento de secuencias ▪ Problemas derivados del alineamiento de secuencias <p>[3], [2], [1]</p>

	Objetivos Específicos	Contenidos	Horas	Referencias
3 Clustering (0 horas)	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Identificar métodos de distancia aplicables a grafos del tipo árboles ▪ Conocer la transformación de Matrices en estructuras de grafos ▪ Reconocer a los métodos de Clustering como útiles para la identificación de funciones en genes no conocidos a partir de genes similares ▪ Identificar la importancia del Clustering en el reconocimiento de patrones de enfermedades 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ El problema del Clustering ▪ Clustering Jerárquico ▪ Algoritmo de Neighbour Joining ▪ Algoritmo del Average linkage ▪ Clustering no jerárquico o K-means ▪ EST clustering <p>[3], [2], [1]</p>		

	Objetivos Específicos	Contenidos
3 Árboles Filogenéticos (0 horas)	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Reconocer algoritmos de mediciones de distancias ▪ Analizar la complejidad computacional de cada uno de los algoritmos estudiados ▪ Reconocer la importancia de la filogenia en casos de evolución de epidemias como el HIV ▪ Utilización de herramientas de software de libre uso ▪ Implementación de los algoritmos estudiados 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Introducción a la Filogenia ▪ Algoritmos comunes ▪ Aplicaciones biológicas ▪ Algoritmos Exactos ▪ Algoritmos Probabilísticos <p>[3], [2], [1]</p>

Objetivos Específicos	Contenidos
<ul style="list-style-type: none"> ▪ Identificación de problemas NP-Complejos ▪ Aplicación e implementación de técnicas diversas a fin de dar solución a éstos problemas biológicos ▪ Introducción a los métodos de tipo goloso ▪ Reconocimiento de tópicos avanzados en teoría de grafos 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Problema del <i>Double Digest</i> y <i>Partial Digest</i> ▪ Técnicas utilizadas en el mapeo de secuencias ▪ Mapeo con <i>Non-Unique Probes</i> ▪ Mapeo con <i>Unique Probes</i> ▪ Grafos de Intervalos ▪ Mapeo con Señales de Frecuencias de Restricción <p>[3], [2], [1]</p>

3 Mapeo de Secuencias (0 horas)

Objetivos Específicos	Contenidos
<ul style="list-style-type: none"> ▪ Examina algunos tópicos de reconocimiento visual en Computación Gráfica ▪ Implementación de algunos estructuras simples como el folding 2D 	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Fundamentos de proteínas ▪ Motivación por estructuras de proteínas ▪ Alineamiento de proteínas ▪ Técnica del <i>hinge Geométrico</i> ▪ Predicción de estructuras de proteínas <p>[3], [2], [1]</p>

3 Introducción a la Estructura de las Proteínas (0 horas)

4 Actividades

- Asignaciones
- Controles de Lectura
- Exposiciones

5 Recursos Materiales

- Apuntes del curso
- Libro(s) de la bibliografía

6 Metodología

- Clase Magistral.
- Taller didáctico.
- Social Constructivismo.
- Prácticas personales y en grupo.

7 Evaluación

La nota final (NF) se obtiene de la siguiente manera:

NE Nota de Exámenes 60%, esta nota se divide en

- Exámen Parcial 40%

- Examen Final 60 %

NT Nota de Trabajos e Intervención en clase 40 %

$$NF = 0,6 * NE + 0,4 * NT$$

Referencias

- [1] Peter Clote and Rolf Backofen. *Computational Molecular Biology, An Introduction*. Wiley, 2000.
- [2] Neil A. Jones and Pavel A. Pevzner. *An Introduction to Bioinformatics Algorithms*. The MIT Press, 2004.
- [3] David W. Mount. *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.

Docente del curso