

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE ASUNCIÓN**  
**FACULTAD POLITÉCNICA**  
**INGENIERIA EN INFORMÁTICA**  
**PLAN 2008**  
**PROGRAMA DE ESTUDIO**

Resolución N° 18/04/32-00 Acta N° 1019/19/02/2018 - ANEXO 03

**I. - IDENTIFICACIÓN**

- |                                     |                               |
|-------------------------------------|-------------------------------|
| 1. Asignatura                       | : Electiva 2 : Biocomputación |
| 2. Semestre                         | : Octavo                      |
| 3. Horas semanales                  | : 7 horas                     |
| 3.1. Clases teóricas                | : 5 horas                     |
| 3.2. Clases prácticas               | : 2 horas                     |
| 4. Total real de horas disponibles: | 112 horas                     |
| 4.1. Clases teóricas                | : 80 horas                    |
| 4.2. Clases prácticas               | : 32 horas                    |

**II. - JUSTIFICACIÓN**

A comienzos de la década de los 70's, la electroforesis en gel era una novedosa técnica que permitió un rápido desarrollo de la biología molecular, produciendo una gran cantidad de datos en bruto. Por ello fue necesario contar con algoritmos computacionales eficientes para el análisis de los datos generados, lo cual motivó el surgimiento del área interdisciplinaria de Bioinformática o Biología Computacional. Con el advenimiento de las máquinas de secuenciación de siguiente generación (NGS por sus siglas en inglés), la cantidad de datos generados es aún mayor. Por ello, el análisis computacional de los datos que se generan se ha vuelto cada vez más importante, y se siguen desarrollando muchas herramientas y modelos para la interpretación de estos datos biológicos.

La Biología Computacional consiste en el desarrollo y aplicación de métodos teóricos y de análisis de datos, modelado matemático y técnicas de simulación computacional para el estudio de sistemas biológicos, conductuales, y sociales.

**III. - OBJETIVOS**

- Describir los distintos problemas computacionales que tienen su origen en la Biología Molecular.
- Identificar las herramientas fundamentales para el análisis y diseño de algoritmos.

**IV. - PRE-REQUISITOS**

Para cursar el alumno debe aprobar el 55 % de los créditos.

**V. - CONTENIDO**

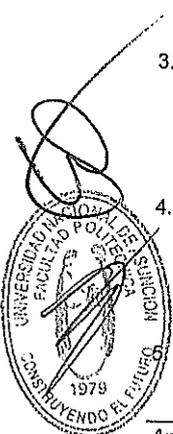
**5.1. Unidades programáticas**

1. Introducción a la Biología Molecular.
2. Correspondencia Exacta (Exact Matching).
3. Búsqueda Exhaustiva.
4. Algoritmos Voraces.
5. Algoritmos en Grafos.
6. Programación Dinámica.
7. Algunos Desafíos en Biocomputación

**5.2. Desarrollo de las unidades programáticas**

1. Introducción a la Biología Molecular
  - 1.1. ADN y Proteínas
  - 1.2. El dogma central de la biología
  - 1.3. El código genético
  - 1.4. Control de la expresión de genes
2. Correspondencia Exacta (Exact Matching)
  - 2.1. Introducción
  - 2.2. El método *naive* (simple)
  - 2.3. Métodos clásicos: Boyer-Moore y Knuth-Morris-Pratt
3. Búsqueda Exhaustiva
  - 3.1. Mapas de restricción
  - 3.2. Algoritmos para la construcción de mapas de restricción
  - 3.3. Motivos reguladores en secuencias de ADN
  - 3.4. Búsqueda de motivos
4. Algoritmos Voraces
  - 4.1. Re-arreglo de genomas
  - 4.2. Re-arreglo mediante permutaciones
  - 4.3. Enfoque voraz para la búsqueda de motivos

Algoritmos en grafos



- 5.1. Secuenciación de ADN por hibridación
- 5.2. Ensamblado por Shotgun
- 5.3. Secuenciación de proteínas
6. Programación Dinámica
  - 6.1. Alineamiento de pares de secuencias
  - 6.2. Alineamiento múltiple de secuencias
  - 6.3. Alineamiento clásico y probabilístico
7. Algunos Desafíos en Biocomputación
  - 7.1. Plegamiento de proteínas
  - 7.2. Interacción Proteína-Proteína
  - 7.3. Predicción de funciones

## VI. - ESTRATEGIAS METODOLÓGICAS

1. Exposición de la teoría con diferentes técnicas.
2. Técnicas grupales e individuales para la resolución de ejercicios.
3. Elaboración y presentación de trabajos prácticos.

## VII. - MEDIOS AUXILIARES

1. Pizarra
2. Marcadores y borrador de pizarra.
3. Bibliografía de apoyo.
4. Equipo multimedia

## VIII. - EVALUACIÓN

El aprendizaje y conocimiento adquirido por el alumno se medirá por medio de dos exámenes parciales y al menos un trabajo práctico, de cuyo promedio, conforme a la reglamentación de escalas, permitirá o no al alumno acceder al examen final, donde será evaluado sobre el total del contenido programático de la materia.

## IX. - BIBLIOGRAFÍA

- Pazos, F., & Chagoyen, M. (2015). *Practical Protein Bioinformatics*. Switzerland: Springer.
- Waterman, M. S. (2000). *Introduction to computational biology: maps, sequences and genomes*. London; New York: Chapman & Hall.

## MATERIALES BIBLIOGRÁFICOS DISPONIBLES EN LA BIBLIOTECA DE LA FACULTAD POLITÉCNICA

- Biological sequence analysis: probabilistic models of proteins and nucleic acids. (1998). New York: Cambridge University Press.
- Gusfield, Dan. (2008). *Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology*. New York: Cambridge University Press.
- Jones, N. C. & Pevzner, P. A. (2004). *An Introduction to Bioinformatics Algorithms*. London: The MIT Press.
- Mount, D. W. (2004). *Bioinformatics: sequence and genome analysis*. (2° Ed.). New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press

## RECURSOS DISPONIBLES A TRAVÉS DE CICCO

- Xu, Y., Markstein, P., Life Sciences, S., Hewlett-Packard, C., & Microsoft, R. (2006). *Computational Systems Bioinformatics - Proceedings Of The Conference Csb 2006*. London: Imperial College Press.

