

Temario de curso

Adscripción	
Programa de posgrado	Ciencias de la Computación
Orientación	
Fecha de registro en el DSE	Haga clic aquí para escribir una fecha.

Información del curso		
Nombre del curso		
Algoritmos para Bioinformática		
Periodo lectivo	Tipo	
Enero-Abril	Elija un elemento.	
Cursos previos		
Conocimientos básicos de biología molecular y matemáticas, pre-cálculo o experiencia equivalente		
Créditos	Horas de teoría	Horas de laboratorio
5	40	0
Elaborado por		
Carlos A. Brizuela		
Aprobado en reunión de Consejo de Programa de Posgrado (CPP)		
Haga clic aquí para escribir una fecha.		

[Click here to enter a date.](#)

Objetivos generales
Familiarizar al alumno con los distintos problemas computacionales que tienen su origen en biología molecular, así como proporcionar las herramientas fundamentales para el análisis y diseño de algoritmos para resolverlos.

Contenido temático
1. Introducción (6 hrs.) Algoritmos: exactos, de aproximación, heurísticos Algunas técnicas de diseño de algoritmos Complejidad de Algoritmos y Problemas Biocomputación Vs. Bioinformática
2. Búsqueda Exhaustiva (6 hrs) Mapas de restricción Algoritmos para la construcción de mapas de restricción Motivos reguladores en secuencias de ADN (TFBS) Búsqueda de motivos: enfoque combinatorio
3. Algoritmos Voraces(6 hrs) Re-arreglo de genomas Re-arreglo mediante permutaciones Enfoque voraz para la búsqueda de motivos (TFBS) Herramientas disponibles para el rearrreglo de genomas y

búsqueda de motivos

4. Algoritmos en grafos (8 hrs)

Modelos computacionales para la secuenciación de ADN
Ensamblado de genomas y metagenomas
Enfoque Overlap-Layout-Consensus Vs. grafos de De Bruijn
Secuenciación de proteínas usando espectrometría de masas

5. Programación Dinámica (8 hrs)

Alineamiento de pares de secuencias
Alineamiento múltiple de secuencias
Alineamiento clásico y probabilístico
BLAST y sus variantes, evaluación estadística
Predicción de Genes mediante modelos ocultos de Markov

6. Tópicos selectos en algoritmos para Bioinformática (6 hrs)

Análisis de datos de expresión de genes en microarreglos
Predicción de estructuras de proteínas: modelado homólogo, threading, ab initio
Búsqueda, clasificación y diseño *in silico* de péptidos antimicrobianos
Predicción de funciones de proteínas: el caso de las enzimas
Análisis de datos provenientes de experimentos de secuenciación masiva: RNAseq

Criterios y mecanismos de evaluación

Tareas, Exámenes y Proyecto de fin de curso

Comentarios

[Haga clic aquí para escribir texto.](#)

Referencias bibliográficas

1. Pavel Pevzner and Ron Shamir. Bioinformatics for Biologists. Cambridge University Press (2011).
2. David Mount. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press; 2nd edition (August 16, 2004).
3. R. C. Deonier, S. Tavaré, M. S. Waterman. Computational Genome Analysis: An Introduction. Springer, (2005).
4. Jonathan Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics. Wiley-Blackwell; 2 edition (May 4, 2009).
5. Dan Gusfield. Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge University Press. c1999.
6. Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms. The MIT Press; 1 edition (August 1, 2004).
7. I. Eidhammer, I. Jonassen, and W. R. Taylor. Protein Bioinformatics: An algorithmic approach to sequence and structure analysis. John Wiley & Sons, 2004.
8. Donald R. Bruce. Algorithms in Structural Molecular Biology. MIT Press (2011).
9. Jenny Gu, Philip E. Bourne. Structural Bioinformatics. Wiley-Blackwell; 2nd Edition, (2011).
10. Michael S. Waterman, Simon Tavaré, Richard Deonier. Computational Genome Analysis: An

Introduction. Springer-Verlag, (2005).

11. Revistas especializadas: Bioinformatics, BMC Bioinformatics, Briefings Bioinformatics, PLOS Computational Biology, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology, JCB.