



UNIVERSIDAD NACIONAL DE INGENIERÍA
FACULTAD DE CIENCIAS
ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN

SÍLABO

INFORMACIÓN GENERAL

ASIGNATURA	:	BIOLOGÍA COMPUTACIONAL
CÓDIGO	:	CC471
CRÉDITOS	:	04 (CUATRO)
PRE-REQUISITO	:	CH061 BIOLOGÍA CC302 LENGUAJE PARALELO DISTRIBUIDO ORIENTADO A OBJETOS
CONDICIÓN	:	OBLIGATORIO
HORAS POR SEMANA	:	06 (TEORÍA: 02, PRACTICA: 02, LABORATORIO: 02)
SISTEMA DE EVALUACIÓN	:	G

OBJETIVO

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

PROGRAMA ANALÍTICO

1. Conceptos Introductorios

I: Introducción a la Historia de la Genética. II: Conceptos Básicos de Biología Molecular. III: Problemas clásicos en Bioinformática. IV: Herramientas de recolección y almacenamiento de secuencias en laboratorio. V: Recursos de Software, introducción a BLAST, CLUSTALW. VI: Cadenas, Grafos y Algoritmos.

2. Alineamiento de Secuencias

I: Introducción al alineamiento de secuencias. II: Comparación de pares de secuencias. III: Alineamiento de Secuencias Global. IV: Alineamiento de Secuencias Múltiples. V: Cadenas ocultas de Markov. VI: Métodos exactos, aproximados y heurísticos del alineamiento de secuencias. VII: Problemas derivados del alineamiento de secuencias.

3. Clustering

I: El problema del Clustering. II: Clustering Jerárquico. III: Algoritmo de Neighbour Joining. Algoritmo del Average linkage. IV: Clustering no jerárquico o K-means. V: EST clustering.

4. Árboles Filogenéticos

I: Introducción a la Filogenia. II: Algoritmos comunes. III: Aplicaciones biológicas. IV: Algoritmos Exactos. V: Algoritmos Probabilísticos.

5. Mapeo de Secuencias

I: Problema del Double Digest y Partial Digest. II: Técnicas utilizadas en el mapeo de secuencias. III: Mapeo con Non-Unique Probes. IV: Mapeo con Unique Probes. V: Grafos de Intervalos. VI: Mapeo con Señales de Frecuencias de Restricción.

6. Introducción a la Estructura de las Proteínas

I: Fundamentos biológicos de las proteínas. II: Motivación para la predicción de las estructuras de las proteínas. III: Alineamiento rígido de Proteínas. IV: Técnica del alineamiento por Hashing Geométrico. V: Predicción de la estructuras de las proteínas.

BIBLIOGRAFÍA

1. Clote, P. and Backofen, R. Computational Molecular Biology, An Introduction. Wiley, 2000.
2. Jones, N. A. and Pevzner, P. A. An Introduction to Bioinformatics Algorithms. The MIT Press. 2004.
3. Mount, D. W. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.