



QUILMES, 29 JUL 2009

VISTO el Expediente N° 827-0703/09, y

**CONSIDERANDO:**

Que por el citado Expediente la Secretaría de Posgrado tramita la aprobación del curso de Posgrado denominado "Algoritmos combinatorios en Biología Computacional".

Que a través de la Resolución (CS) N° 283/05, se aprueba el Reglamento de Cursos y Seminarios de Posgrado de la Universidad.

Que el mencionado curso constituye un aporte relevante a la formación de posgrado en las especialidades involucradas.

Que los antecedentes académicos y profesionales de los docentes a cargo del dictado del mismo, garantizan calidad y solvencia en el desarrollo de los contenidos especificados.

Que la evaluación del citado curso ha cumplido con los requisitos estipulados en el Art. 6° del Reglamento de Cursos y Seminarios de Posgrado de esta Casa de Altos Estudios.

Que la presente se dicta en virtud de las atribuciones conferidas al Rector por el Art. 72° del Estatuto Universitario.

Por ello,

**EL RECTOR DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES**

**RESUELVE:**

ARTICULO 1°: Aprobar el dictado del curso de Posgrado denominado "Algoritmos combinatorios en Biología Computacional", cuyo programa y características generales se detallan en el Anexo de la presente resolución.

ARTICULO 2°: Designar como docente expositor para el dictado del curso al Dr. Gabriel Valiente y como coordinador, al Dr. Gustavo Parisi.

ARTICULO 3°: Disponer que el curso tendrá una duración total de 18 (dieciocho) horas y que se podrá dictar hasta el ciclo lectivo 2011.



00618

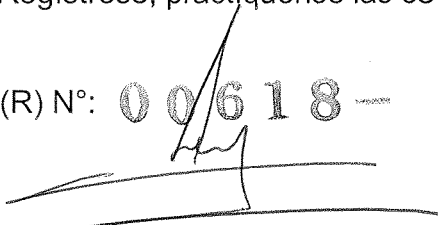


Universidad  
Nacional  
de Quilmes

ARTICULO 4º: Establecer un cupo máximo de 15 alumnos. En el caso que los postulantes excedan esa cifra, el docente a cargo realizará la selección correspondiente.

ARTICULO 5º: Regístrese, practíquense las comunicaciones de estilo y archívese.

RESOLUCION (R) N°: 00618

  
Carmen L. Chiaradonna  
CONTADORA PUBLICA NACIONAL  
Secretaría Administrativa  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

  
Mario E. Lozano  
Vicerrector / a Cargo  
Universidad Nacional de Quilmes

## ANEXO

Título del Curso de Posgrado: "Algoritmos combinatorios en Biología Computacional".

Lugar de Realización: UNQ - Roque Sáenz Peña 352, Bernal.

Docente Expositor: Dr. Gabriel Valiente.


Docente Coordinador: Dr. Gustavo Parisi

Carga horaria: 18 hs.

Fecha de realización: año 2009 con aprobación hasta el 2011.


Destinatarios: Biotecnólogos, Bioquímicas, Biólogos moleculares, Carreras afines.

### Objetivos:



Los algoritmos de reconocimiento de patrones que usan métodos combinatorios, constituyen herramientas indispensables en el análisis geonómico, transcritoico, proteómico, metabolómico y interatómico. Entre estos algoritmos el más usado es el BLAST, un software para la rápida búsqueda de secuencias proteicas y nucleotídicas, que se basa en algoritmo de reconocimiento de patrones usando sistemas combinatorios para el alineamiento local de secuencias. Otros algoritmos muy conocidos son los árboles de sufijos o *arrays* de sufijos desarrollados para resolver problemas específicos en biología computacional, como es el encontrar patrones secuenciales en proteínas y en ácidos nucleicos.

El presente curso incluye una visión organizada y global del campo de los algoritmos combinatorios para el reconocimiento de patrones en biología computacional, focalizándose en el uso de sistemas moleculares como secuencias o en árboles o grafos. El curso está organizado para resolver problemas cotidianos al estudiar secuencias biológicas (DNA, RNA o proteínas),



00618

árboles (filogenéticos, estructuras de RNA), y grafos (como redes filogenéticas, rutas metabólicas, redes de interacción de proteínas, en rutas de señalización). El énfasis está puesto en los aspectos prácticos del análisis de estos sistemas biológicos con el entendimiento de soluciones exactas (más que aproximadas) en la búsqueda de patrones y en la comparación de a pares (más que múltiples) de estructuras complejas (árboles, redes, etc).

### Importancia académica

El reconocimiento de patrones es un tema central en la biología computacional, y por extensión en el estudio y análisis de secuencias proteicas o de ácidos nucleicos, como en el estudio de árboles filogenéticos, redes de interacción de proteínas o rutas metabólicas. El curso ofrece un acercamiento práctico con la explicación y uso de distintos algoritmos para resolver problemas cotidianos en el análisis de los sistemas biológicos usando herramientas computacionales.

### Contenidos y bibliografía:

1. Introducción
  - 1.1 Métodos Combinatorios de Comparación de Patrones
  - 1.2 Biología Computacional
  - 1.3 Un Ejemplo de Motivación: Predicción de Genes
2. Secuencias
  - 2.1 Secuencias en Matemáticas
    - 2.1.1 Recuento de Secuencias Etiquetadas
  - 2.2 Secuencias en Informática
    - 2.2.1 Recorrido de Secuencias Etiquetadas
  - 2.3 Secuencias en Biología Computacional
    - 2.3.1 Complemento Inverso de Secuencias de ADN
    - 2.3.2 Recuento de Secuencias de ARN
    - 2.3.3 Generación de Secuencias de ADN
3. Comparación Sencilla de Patrones en Secuencias
  - 3.1 Búsqueda de Palabras en Secuencias
    - 3.1.1 Composición en Palabras de Secuencias
    - 3.1.2 Comparación de Secuencias sin Alineamiento
4. Comparación General de Patrones en Secuencias





- 4.1 Búsqueda de Subsecuencias
  - 4.1.1 Arreglos de Sufijos
- 4.2 Búsqueda de Subsecuencias Comunes
  - 4.2.1 Arreglos de Sufijos Generalizados
- 4.3 Comparación de Secuencias
  - 4.3.1 Comparación de Secuencias basada en Distancia d
  - 4.3.2 Comparación de Secuencias basada en Alineamiento
- 5. Árboles
  - 5.1 Árboles en Matemáticas
    - 5.1.1 Recuento de Árboles Etiquetados
  - 5.2 Árboles en Informática
    - 5.2.1 Recorrido de Árboles Enraizados
  - 5.3 Árboles en Biología Computacional
    - 5.3.1 La Representación Lineal Newick
    - 5.3.2 Recuento de Árboles Filogenéticos
    - 5.3.3 Generación de Árboles Filogenéticos
- 6. Comparación Sencilla de Patrones en Árboles
  - 6.1 Búsqueda de Caminos en Árboles Libres
    - 6.1.1 Distancias en Árboles Libres
    - 6.1.2 La Distancia de Partición entre Árboles Libres
    - 6.1.3 La Distancia Nodal entre Árboles Libres
  - 6.2 Búsqueda de Caminos en Árboles Enraizados
    - 6.2.1 Distancias en Árboles Enraizados
    - 6.2.2 La Distancia de Partición entre Árboles Enraizados
    - 6.2.3 La Distancia Nodal entre Árboles Enraizados
- 7. Comparación General de Patrones en Árboles
  - 7.1 Búsqueda de Subárboles
    - 7.1.1 Búsqueda de Subárboles inducidos por Tripletas
    - 7.1.2 Búsqueda de Subárboles inducidos por Cuartetos
  - 7.2 Búsqueda de Subárboles Comunes
    - 7.2.1 Concordancia Máxima de Árboles Libres
    - 7.2.2 Concordancia Máxima de Árboles Enraizados
  - 7.3 Comparación de Árboles
    - 7.3.1 La Distancia de Tripletas entre Árboles Enraizados



00618

7.3.2 La Distancia de Cuartetos entre Árboles Libres

8. Grafos

8.1 Grafos en Matemáticas

8.1.1 Recuento de Grafos Etiquetados

8.2 Grafos en Informática

8.2.1 Recorrido de Grafos Dirigidos

8.3 Grafos en Biología Computacional

8.3.1 La Representación Lineal eNewick

8.3.2 Recuento de Redes Filogenéticas

8.3.3 Generación de Redes Filogenéticas

9. Comparación Sencilla de Patrones en Grafos

9.1 Búsqueda de Caminos en Grafos

9.1.1 Distancias en Grafos

9.1.2 La Distancia de Multiplicidad de Caminos entre Grafos

9.1.3 La Distancia de Triparticiones entre Grafos

9.1.4 La Distancia Nodal entre Grafos

9.2 Búsqueda de Árboles en Grafos

9.2.1 El Error Estadístico entre Grafos

10. Comparación General de Patrones en Grafos

10.1 Búsqueda de Subgrafos

10.1.1 Búsqueda de Subgrafos inducidos por Tripletas

10.2 Búsqueda de Subgrafos Comunes

10.2.1 Concordancia Máxima de Redes Enraizadas

10.3 Comparación de Grafos

10.3.1 La Distancia de Tripletas entre Grafos

Referencias

G. Valiente. Combinatorial Pattern Matching Algorithms in Computational Biology using Perl and R.

Chapman & Hall/CRC Mathematical & Computational Biology Series. Chapman & Hall/CRC, 2009

Bibliografía complementaria

J. Tisdall. Beginning Perl for Bioinformatics. O'Reilly, 2001

J. Tisdall. Mastering Perl for Bioinformatics. O'Reilly, 2003



R. Gentleman. R Programming for Bioinformatics. Chapman & Hall/CRC  
Computer Science & Data  
Analysis Series. Chapman & Hall/CRC, 2008

Metodología: Teórico.

Modalidad: Presencial

Requisitos de asistencia: Asistencia al 80 % del total de las clases.

Evaluación: Cuestionario y resumen final.

Certificación: Certificados de Asistencia y Aprobación de la UNQ.

Cupo máximo: 15 alumnos.

Arancel:

Arancel general de \$ 180.-

Los egresados de la Universidad están exentos del pago.

Presupuesto:

***La realización del curso quedará sujeta a que la recaudación de fondos  
garantice la cobertura de su presupuesto.***

Requerimientos:

El CV del docente consta de fs. 7 a 23 del Expediente N° 827-0703/09.

ANEXO DE RESOLUCIÓN (R) N°: 00618

Carmen L. Chiaradonna  
CONTADORA PÚBLICA NACIONAL  
Secretaría Administrativa  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

Mario E. Lozano  
Vicerector / a Cargo  
Universidad Nacional de Quilmes