

## **Título del tutorial:** Biocomputación

**Organizadores:** Dr. Israel Marck Martínez Pérez, DCC-CICESE

Dr. Gabriel del Río Guerra, IFC-UNAM

**Introducción:** La biocomputación es una disciplina relativamente reciente en la que convergen áreas que tradicionalmente no habían tenido contacto entre sí, tales como las Ciencias de la Computación y la Biología. Su rápido desarrollo está basado en los extraordinarios avances en secuenciación genómica y en biotecnología, que no solamente han derivado en la investigación de algoritmos y herramientas computacionales capaces de procesar toda esta gran cantidad de datos y extraer de ellos nuevos conocimientos biológicos, sino también las ciencias computacionales se han adentrado en el mundo de la biología hasta el punto de poder utilizar moléculas orgánicas para resolver problemas computacionales. Este taller contempla una breve introducción de dos de los principales paradigmas del mundo de la biocomputación: la bioinformática y el cómputo biomolecular.

**Contenido:** Introducción a la Biología Molecular y Diseño de Péptidos, Problemas elementales en biocomputación. Algoritmos para: predicción de estructura y función en proteínas y diseño de proteínas. Conceptos y ejemplos básicos de computación biomolecular. Autómatas y circuitos lógicos moleculares.

**Duración:** 6 horas (dos sesiones de 3 horas cada una)

**Dirigido a:** Estudiantes y académicos en general de las carreras de Ingeniería Informática, Electrónica, Licenciaturas en Computación, Matemáticas y Física.

**Requisitos:** Conocimientos básicos de programación.

**Instructores:** Gabriel del Río, Israel Martínez y Carlos Brizuela.

**Lengua de impartición:** castellano

### **Referencias Bibliográficas**

1. Richard C. Deonier, Simón Tavaré and Michael Waterman. Computational Genome Analysis: An Introduction. Springer 2005
2. Neil C. Jones and Pavel A. Pevzner. An Introduction to Bioinformatics Algorithms. The MIT Press; 1 edition (August 1, 2004)
3. Michael S. Waterman. Introduction to Computational Biology: Maps, sequences and genomes. Chapman & Hall/CRC c2000
4. Dan Gusfield. Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge University Press. c1999

- 5.** Pavel Pevzner. Computational Molecular Biology: An Algorithmic Approach. The MIT Press; 1st edition (August 21, 2000)
  - 6.** I. Eidhammer, I. Jonassen, and W. R. Taylor. Protein Bioinformatics: An algorithmic approach to sequence and structure analysis. John Wiley & Sons, 2004.
  - 7.** Z. Ignatova, I.M. Martínez-Pérez, and K.H. Zimmermann: DNA Computing Models. Springer, 2008.
  - 8.** Gheorghe Paun, Grzegorz Rozenberg, and Arto Salomaa. DNA Computing: New Computing Paradigms. Gheorghe Paun, Grzegorz Rozenberg, and Arto Salomaa, Springer, 1998.
  - 9.** Cris Calude and Gheorghe Paun: Computing with Cells and Atoms: An Introduction to Quantum, DNA and Membrane Computing, Taylor and Francis, 2001.
- Martyn Amos: Cellular Computing. Oxford University Press, 2004.