

Introducción

Seleccionar el mínimo número de conjuntos de una colección para poder encontrar una solución óptima es un problema muy estudiado (*Set Covering*), sin embargo encontrar el conjunto mínimo de sondas que identifiquen lo más posible (máximo local) a varios pares de alelos es una tarea complicada. A lo largo de esta tesis se observó como la transformación del problema de genotipificación de secuencias en el caso de los trasplantes, en un problema de tipo *NP* (*Set Covering*), para luego resolverlo con un algoritmo de tipo polinomial (*Greedy*), obteniendo así una solución óptima.

Este proyecto de tesis consta de seis capítulos en los cuales se describe detalladamente como fue que surgió la inquietud de encontrar la colección mínima de sondas que identificara por completo a cualquier par de alelos HLA-A, esto con el fin de conocer la compatibilidad que tiene un órgano donador y un paciente receptor, ya que si la HLA-Compatibilidad de su locus ó familia es la misma, el donador es un candidato perfecto para llevar a cabo un trasplante de órgano con éxito.

El primer capítulo habla sobre la descripción del problema de la genotipificación de secuencias en el caso de los trasplantes, así como de los objetivos generales y específicos de la tesis; también se describen los alcances y limitaciones de la misma.

En el segundo capítulo se define el modelo sobre el cuál se trabajó, describe las propiedades que éste ofrece así como sus debilidades. También define algunos aspectos de la teoría utilizados en el desarrollo del proyecto, como son: el modelo del *set covering* y *binary tree decision*. También se habla de temas de Biología Molecular.

Encontrar la manera correcta de representar datos es una labor que se describe en el capítulo 3, la metodología y su aplicación también se tratan en este apartado. El diseño y procedimiento de esta tesis, así como el uso de DLV como herramienta de apoyo para comprender el problema por completo se describen en este apartado.

El capítulo cuatro se aborda de una manera más detallada el procedimiento que se utilizo para depurar los datos, para el problema de transplantes, así también, el cómo generar las sondas o pruebas de laboratorio que se pueden aplicar al HLA-A. Por ultimo una serie de optimizaciones aplicadas a la matriz de entrada que se utilizara para resolver el problema de transplantes.

El capítulo cinco aborda en su totalidad la parte de implementación del algoritmo para resolver el *Set Covering*, en donde se tiene lugar las diferentes pruebas que se realizaron para poder estimar una función, que diga el tiempo necesario que tardara el algoritmo del Greedy en resolver el *Set Covering* asociado al problema de los transplantes. Por ultimo se presentan las graficas de cada una de las funciones de tiempo realizadas y los resultados obtenidos por el algoritmo Greedy, es decir, el conjunto mínimo de sondas necesarias para identificar a cualquier par de bialelos, así también las comparaciones con la tesis de Ciciolli Peña quien realizó un trabajo previo en ésta área.

El capítulo seis habla sobre el trabajo a futuro que se puede realizar para seguir trabajando en este tema tan vasto e interminable, se presentan las conclusiones obtenidas durante el desarrollo de ésta tesis, y por último una lista de los trabajos relacionados con esta tesis.

En la última parte de esta tesis se encuentra la bibliografía comentada y una lista detallada del contenido del CD que contiene los anexos de esta tesis, así como la versión digital de la misma.