

INTRODUCCIÓN

Durante los últimos años el mundo ha presenciado grandes avances en la tecnología del trasplante de órganos, definido como “el procedimiento médico mediante el cual se extraen tejidos de un cuerpo humano y se reimplantan en otro, con el propósito de que el tejido trasplantado, realice en su nueva localización la misma función que realizaba previamente” [1].

La respuesta al rechazo inmunológico sigue siendo una de las mayores barreras para el trasplante de órganos. Los genes que codifican las moléculas de alelos antígenos de leucocitos humanos (HLA) se encuentran agrupados en una región del cromosoma 6 denominada Complejo Mayor de Histocompatibilidad, la cual juega un papel fundamental en la regulación del sistema inmune. La introducción de técnicas de biología molecular, en la tipificación de los genes HLA, ha permitido identificar con gran exactitud aquellas combinaciones alélicas, las cuales son necesarias conocer para la realización de un trasplante.

El problema que se plantea en esta tesis es determinar la clasificación a la que pertenecen los alelos de un ser humano que se encuentre en la posición de donar algún órgano, o bien, ser el receptor.

De esta forma los datos proporcionados permiten plantear y modelar un problema matemático combinatorio, en el cual se desea obtener una solución factible aplicando algoritmos heurísticos.

Un algoritmo heurístico se puede definir como cualquier regla o estrategia por la cual se limita la búsqueda de soluciones en problemas cuyas regiones de solución son demasiado grandes. Los heurísticos no garantizan soluciones óptimas, pero mejoran la solución de partida y son obtenidas en tiempos medios menores que los generados por los algoritmos exactos [4].

Debido a la gran cantidad de datos que se deben considerar es apropiado utilizar herramientas computacionales que proporcionen resultados numéricos en un tiempo razonable. Se utilizará el lenguaje computacional de programación C para aplicar el algoritmo heurístico que dé solución al modelo matemático.

En el capítulo 1 de esta tesis, se hace una descripción detallada del problema de clasificación de pares de alelos HLA y sus limitaciones con respecto al campo biológico, se hace una justificación de por qué seguir trabajando en este tema a pesar de que ya se tienen resultados previos en dos trabajos anteriores; finalmente se plantean los objetivos de este trabajo.

En el capítulo 2, se hace la descripción del modelo matemático del problema y de cómo se utilizan los datos para elaborar preguntas con las cuales se pueda dar solución al

problema y como aplicar estas preguntas a los datos originales proporcionados por el departamento de Química y Biología de la Universidad de las Américas, Puebla [10].

El capítulo 3, es la base para aplicar el método para obtener una solución inicial del problema; se hace una introducción al tema de teoría de la información, se describen los conceptos y definiciones de esta teoría, así como también se dan ejemplos numéricos de los conceptos definidos.

En el capítulo 4, se presenta la metodología y los resultados obtenidos y se explica como interpretar estos resultados para ser aplicados a la clasificación de pares de alelos HLA de una persona.

Por último se presentan las conclusiones de esta tesis y al final del trabajo se presentan una sección de apéndices donde se incluye los códigos de los programas realizados y los resultados obtenidos.