

S2. Bioinformática usando Metaheurísticas, Algoritmos Evolutivos y Bioinspirados

Organizadores:

- Miguel A. Vega-Rodríguez - mavega@unex.es
- Sergio Santander-Jiménez - sesaji@unex.es
- Álvaro Rubio-Largo - arl@unex.es
- José M. Granado-Criado - granado@unex.es
- David L. González-Álvarez - dlga@unex.es

Descripción:

Una amplia variedad de problemas en el campo de la Bioinformática pueden ser formulados como problemas de optimización, por lo cual se prestan a ser resueltos mediante la aplicación de diversas técnicas basadas en Metaheurísticas, Computación Evolutiva y Bioinspirada. De hecho, la Bioinformática representa una de las áreas de investigación más prometedoras para su estudio mediante Computación Evolutiva y Bioinspirada.

Esta sesión pretende dar cuenta de aplicaciones de Computación Evolutiva y Bioinspirada en cualquier problema del ámbito de la Bioinformática, para lo cual buscamos artículos científicos originales y de calidad. Particularmente, se buscan contribuciones en las siguientes temáticas (aunque no se limitan a):

- Optimización Multiobjetivo en Bioinformática.
- Técnicas Evolutivas Paralelas y Distribuidas en Bioinformática.
- Inteligencia de Enjambre en Bioinformática.
- Metaheurísticas en Bioinformática.
- Algoritmos Evolutivos y Bioinspirados en Bioinformática.
- Sistemas Inmunes Artificiales en Bioinformática.
- Aprendizaje Automático y Minería de Datos en Bioinformática.
- Sistemas Difusos y Redes Neuronales en Bioinformática.
- Clasificación y Toma de Decisiones en Bioinformática.

Con respecto a los problemas de interés en Bioinformática, existen muchas alternativas diferentes: bioinformática aplicada a biomedicina, análisis, comparación y alineamiento de secuencias biológicas, reconocimiento/descubrimiento de motivos, genes y señales, evolución molecular, filogenética y filogenómica, determinación o predicción de estructuras de ARN y proteínas, torsión y plegado de ADN, expresión génica y redes reguladoras génicas, deducción de secuencias metabólicas, diseño y análisis de microarrays, proteómica, genómica funcional, acoplamiento molecular, diseño de secuencias de ADN para DNA Computing, etc.