

4

CONCLUSIONES

El problema biológico de tipificación del VPH nos ha conducido a un problema de importancia matemática que involucra particiones. Este nuevo problema computacional pertenece a la clase de complejidad NP-completo, por lo que un algoritmo de aproximación puede ser una de las mejores alternativas de solución práctica. Es posible aplicar todos los resultados obtenidos para el conocido problema de cobertura de conjuntos a nuestro problema gracias a la reducción polinomial encontrada.

Es posible extender esta metodología a otros problemas biológicos de tipificación más complejos, por ejemplo la hepatitis, los virus de inmunodeficiencia humanos, los alelos de la clase de histocompatibilidad, etc. Basta observar que la población del VPH está agrupada por similitud. Parece razonable agregar a la presente metodología una etapa previa de agrupamiento para extenderla a tipificación general.