***Proyecto de Análisis y Modelación:***

*Alineamiento Múltiple de Secuencias (MSA)*

El objetivo del proyecto es crear un programa/algoritmo que sea capaz de resolver tres o más secuencias biológicas de longitudes similares ( *m x m*). Para esto se pueden utilizar los llamados GAP’S los cuales son guiones que se introducen en las secuencias, estos **recorren** los siguientes valores **no reemplazan**, esto debido a que se podría corromper la secuencia biológica.

Para los GAP’S existen dos reglas importantes:

1. Pueden haber GAP’S vecinos, pero puede haber una columna de puros GAP’S.
2. En caso de haber una columna de GAP’S el algoritmo deberá eliminarla.

# *¿ A que se refiere con resolver secuencias biológicas?*

Esto se refiere a alinear las secuencias de tal modo que se puedan resaltar sus zonas de similitud.

# *Objetivo 1 del proyecto:* Alineamiento de palabras.

El primer objetivo de este proyecto será crear el programa que sea capaz de ordenar palabras y en general hacer el proyecto en una menor escala, pero ya implementando todas las funciones que se vayan a entregar en el objetivo 2 (Entrega final). Para pasar al siguiente objetivo el programa deberá mínimo poder ordenar alineamientos de 2 secuencias y cumplir las 2 reglas de los GAP’S, lo recomendable sería que pueda ordenar alineamientos de 3 secuencias.

# *Objetivo 2 del proyecto*: Entrega final.

Este sería el programa que entregar, deberá de estar perfeccionado lo mas que se pueda para la fecha designada por el profesor. Se reutilizará gran parte del código del Objetivo 1 pero ampliando sus funciones para que sea capaz de ordenar secuencias de *m x m* dimensiones. Es probable que en el proceso de creación aparezcan más funciones que implementar por lo que este programa deberá mínimo ser capaz de ordenar alineamientos de 3 secuencias y que el código sea escalable para que no quede estancado en *3x3* dimensiones.