PROYECTO 3:

<https://www.cs.us.es/~marper/docencia/bioinformatics/temas/alineamiento-pares-trans.pdf>

La funcion U(c,d) es para comparar los caracteres de la misma posicion de las dos ecuencias dependiendo de su puntaje

MATRIZ DE COINCIDENCIA: PURINAS Y PIRIMIDINAS

Si se hizo un gap arriba, el siguiente gap debe ser abajo!!!!!

Depediendo de la matriz de puntuacion hay que ser si conviene hacer un gap o no

Cuando haces el backtrack (hacer la cosa de la tabla de puntuacion), como estas en la posicion final, debes ir buscando de la esquina hacia arriba, dependiendo si coinciden o no. Si no coinciden, debes buscar el mayor valor que encuentres en ↖ ← ↑, el maximo de esos tres, y si hay dos iguales se debe escoger entre las dos posiciones.

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | GAP | SECUENCIA 1 | SECUENCIA 1 | |SECUENCIA 1 | SECUENCIA 1 |
| GAP |  |  |  |  |  |
| SECUENCIA 2 |  |  |  |  |  |
| SECUENCIA 2 |  |  |  |  |  |
| SECUENCIA 2 |  |  |  |  |  |

CUANDO SE HAY UNA FLECHA HACIA → SE ABRE UN GAP EN LA SECUENCIA 2, SI HAY UNA FLECHA HACIA ↓ SE ABRE UN GAP EN LA SECUENCIA 1 Y SI LA FLECHA INDICA ↘ SIGNIFICA QUE HAY COINCIDENCIA.

CUANDO DOS NUMEROS SEAN IGUALES ANDATE POR LA DIAGONAL

GRAPIHZ TABLA DE PUNTUACION CON EL CAMINO MAS CORTO