

Tarea 1: Herramientas para Alineamiento de Frecuencias en Bioinformática

José Benavente

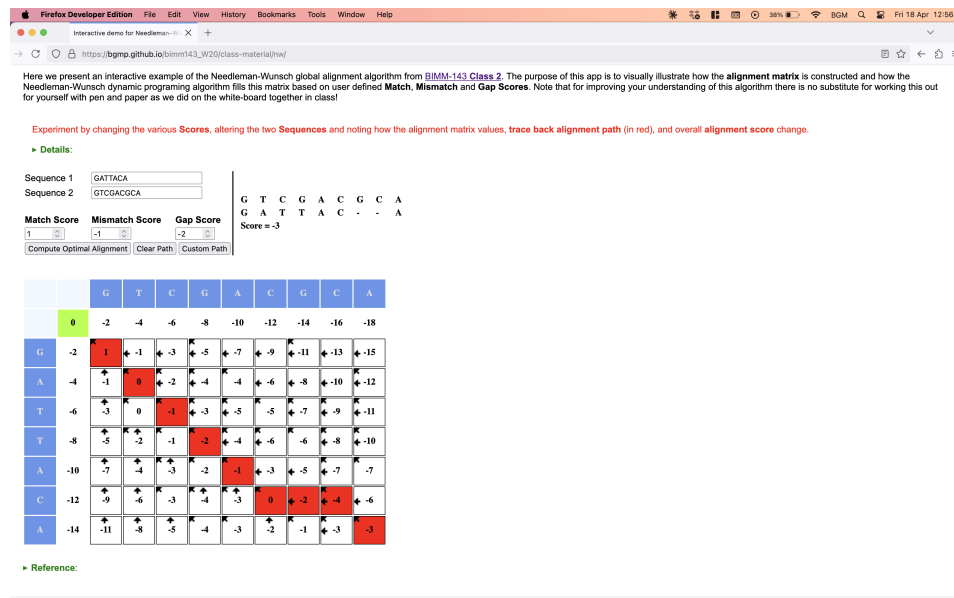
Needleman-Wunsch Global Alignment App

Esta herramienta (https://bgmp.github.io/bimm143_W20/class-material/nw/) implementa el algoritmo clásico de programación dinámica para alineamiento global de secuencias.

Características:

- Interfaz interactiva que muestra la construcción de la matriz paso a paso
- Personalización de puntajes para Match, Mismatch y GAP
- Visualización del camino de retroceso (traceback) para el alineamiento óptimo

Aplicaciones: Ideal para estudiantes y educadores que buscan comprender visualmente el funcionamiento del algoritmo. Facilita el aprendizaje de conceptos fundamentales de programación dinámica en alineamiento de secuencias.



MAFFT (Multiple Alignment using Fast Fourier Transform)

MAFFT (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/index.html>) es una herramienta que incorpora la Transformada Rápida de Fourier para mejorar la velocidad y precisión en alineamientos múltiples. Al ser más eficiente desde el punto de vista computacional, es preferible para trabajar con grandes conjuntos de datos.

Características:

- Usa FFT para identificar regiones de similitud entre secuencias
- Ofrece diversos modos según la complejidad del conjunto de datos
- Maneja formatos estándar y grandes volúmenes de secuencias

Aplicaciones: Ampliamente utilizada en análisis filogenéticos, estudios evolutivos y anotación funcional de proteínas. Su implementación de FFT permite detectar homologías distantes que otros métodos podrían pasar por alto.

