

Actividad tema 1: Introducción a la algorítmica.

Vamos a diseñar un algoritmo que nos permitirá ensamblar secuencias de un genoma desconocido. Dado un conjunto de secuencias en formato multifasta, debéis diseñar y programar un algoritmo que será capaz de ensamblar las secuencias con el objetivo de hallar el genoma completo de la especie que ha sido secuenciada, o bien los trozos del genoma mayores.

- Q1. Habrá que definir cómo almacenar los datos de entrada y la estructura de datos que se utilizará para la resolución del algoritmo.
- Q2. Tendrá que explicarse con detalle el funcionamiento del algoritmo y su coste.
- Q3. Se aplicará al fichero **Secuencias_2023.fa**. Se mostrarán los resultados obtenidos y se proporcionará el tiempo de cálculo del algoritmo.
- Q4. Se realizará un estudio teórico de cuál es la previsión de tiempo para tamaños de problemas mucho mayores.

Secuencias_2023.fa: son 10 secuencias que si se solapan, lo hacen sin errores y un mínimo de 11 nucleótidos.

S1: ACTCGACGTAAGTCACAGT
 ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
S2: TAAGTCACAGTACAGTCATAGA

S1+S2: ACTCGACGTAAGTCACAGTACAGTCATAGA