|  |  |
| --- | --- |
| Nombre del Grupo: | |
| Nombre Integrante 1: Jhon Sebastián Londoño Cárdenas | Código Integrante 1:8944125 |
| Nombre Integrante 2: | Código Integrante 2: |
| Calificación Parcial – Obligatorio | Calificación Parcial - Opcional |
|  |  |

Instrucciones:

* Reemplace el valor de “NombreGrupo” en el nombre de este documento por el nombre que le colocaron a su grupo.
* Este documento debe contener los elementos tanto del marco teórico, como de código del Proyecto Final.
* Evite modificar el encabezado y pie de página de este documento.

**Marco teórico y planeación:**

**¿Qué es BLAST y para qué es utilizado?**

En bioinformática, BLAST son las siglas para Basic Local Alignment Search Tool. Se puede definir como un conjunto de algoritmos que llevan a cabo una comparación de secuencias de proteínas y genes con otra gran cantidad de secuencias almacenadas en bases de datos públicas. Por lo general, la secuencia que se compara con el resto recibe el nombre de “query” o “consulta”. El objetivo principal de estos algoritmos es determinar cuáles de estas secuencias se asemejan a esta secuencia consulta, es decir, buscar la alineación óptima local, para lo cual se calculan unos puntajes que determinan qué tan buena es la alineación y su semejanza con la consulta.

**Standard Nucleotide BLAST**

Es una aplicación web que se utiliza para el proceso descrito anteriormente. Cuenta con una gran variedad de opciones como la posibilidad de ingresar la secuencia que se quiere comparar en diferentes formatos, escoger en la base de datos con la cual se quiere realizar la comparación entre muchos otros parámetros de gran complejidad que de configuran dependiendo de las necesidades de quien lo esté usando y su objetivo en el estudio que esté realizando.