



Idea de Proyecto

Genómica Computacional

- Marín Parra José Guadalupe de Jesús
- Rangel Limón Erik



Tipo de Proyecto

Análisis del algoritmo con un enfoque en la teoría de gráficas para determinar la similitud entre secuencias del genoma a partir de tripletes de nucleótidos.



Objetivos

- Análisis de la efectividad y complejidad del algoritmo.
- Probar el algoritmo para construir la matriz de distancias de distintos genomas.
- Mostrar el árbol filogenético de las secuencias analizadas por medio del software gratuito MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis).
- Determinar la similitud de las secuencias del genoma basado en tripletes de nucleótidos.
- (Opcional) Explicación del algoritmo UPGMA para la construcción del árbol filogenético.



Datos

- Tripletes de nucleótidos
- *A new graph-theoretic approach to determine the similarity of genome sequences based on nucleotide triplets*, 2020
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7437474/>