

## Biclustering

Investigar en que consiste el método de biclustering, cómo funciona, para qué puede ser útil y cómo correrlo en R.

Aplicarlo a un conjunto de datos que tengan on encuentren en línea. Debe contener al menos 10 variables (e.g., expresión de genes, perfiles filogenéticos, etc.). Presentar el código R que usaron, las gráficas y discutir los resultados.