Interfaz de programación de aplicaciones e Interfaz gráfica para algoritmos de String­Matching.

Resumen:

[Este párrafo deberá hablar, de manera clara y concisa, del área de las ciencias que se pretende abordar y cual es el problema a resolver].

Una de la tareas más frecuentes en la biología molecular es el análisis de secuencias (ácido desoxirribonucleico y/o aminoácidos). El fin de dicho análisis es encontrar características, intrínsecas en las secuencias, que permitan determinar si dicha secuencia tiene alguna función biológica o no. Dicho análisis puede ser abordado por un área de la ciencias computacionales conocido como Bioinformática.

[Este párrafo deberá hablar, de manera clara y concisa, de la solución que proponemos y cuales son las técnicas que utilizaremos para ello].

El presente proyecto modular tiene como objetivo desarrollar una API, utilizando el paradigma orientada a objetos, que permita a los bioinformáticos construir componentes de software para el análisis de secuencias, utilizando algoritmos de string-matching. Además, con el fin de que esta herramienta sea utilizada por profesionales del área de biología molecular (sin conocimientos de programación), se desarrollará una interfaz gráfica de usuario (GUI) que utilice el API antes mencionada.

Antecedentes

[En esta sección se presenta la información necesaria para entender el proyecto y el ámbito de su solución]

La bioinformática es la ciencia que se encarga de ….. [ref]

Existen diferentes algoritmos computacionales aplicados para el análisis de secuencias por ejemplo String-matching, bla bla bla … [ref].

String-matching busca ….. [ref]

Existen diferentes algoritmos para String-matching como …. [ref]

Nosotros nos enfocaremos en algoritmo1, algoritmo2.

Actualmente existen diferentes API’s para el análisis de secuencias, algunos ejemplos son BioPerl, BioPhyton, BioJava, Bioc++, SeqAn entre otros. Algunos de éstos no fueron modelados utilizando el paradigma orientado a objetos (BioPerl, BioPhyton, BioJava, Bioc++) [Verificar si esto es cierto]. En los casos antes mencionados, el principal objetivo fue el de mantener un mejor desempeño y eficacia de los algoritmos por sobre la facilidad en la construcción de nuevos componentes de software; la razón de esto último es que el paradigma orientado a objetos implicaría una disminución en el eficiencia de los algoritmos.

Justificación

Este proyecto se lleva a cabo con la finalidad de integrar un entorno de trabajo en dos niveles diferentes: 1) nivel *intermedio* orientado a desarrolladores de aplicaciones del área de bioinformática; y 2) nivel *alto* una interfaz gráfica de usuario, para especialistas y estudiantes del campo de la biología molecular, para que tenga herramientas (i.e. algoritmos de string-matching) que faciliten su trabajo. Además, dicha interfaz gráfica tendrá la facilidad de ampliarse a través de componentes de software conocidos como plugins.

Prototipo:

Firmas: El documento será firmado al calce por el solicitante y el asesor.