



UNIVERSIDAD
AUSTRAL

| INGENIERÍA

Mini BLAST

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) es un algoritmo que realiza un **alineamiento de secuencias** (ya sea de **ADN**, **ARN** o de **proteínas**). El programa es capaz de comparar una secuencia problema (también denominada en la literatura secuencia *query*) contra una gran cantidad de secuencias que se encuentren en una **base de datos**. El **algoritmo** encuentra las secuencias de la base de datos que tienen mayor parecido a la secuencia problema.

El programa que usted debe realizar tendrá que recibir dos parámetros:

- secuencia de referencia.
- secuencia query.

El output del programa es un porcentaje que refleja cuán parecidas son las dos secuencias.

NOTA: suponer que ambas secuencias tienen la misma longitud.

Más información: <https://es.wikipedia.org/wiki/BLAST>