

Nucleotide String Library

Juan José Delgado Quesada B42250

José Ariel Fallas Pizarro B42481

David Martínez García B34019

8 de diciembre de 2015

1. Justificación

Los nucleótidos son la base de nuestros genes. Estos se unen de manera única y específica para crear cada uno de los genes. Estos son únicos y se componen únicamente de 4 tipos de nucleótidos (Adenina, Guanina, Citosina, Timina). Una pequeña modificación en el código genético puede significarse una mutación, la cual podría terminar generando una especie completamente distinta a la originaria. Y el ADN de un organismo se compone de millones de millones de genes y comparar dos de ellos podría tomarse semanas e inclusive meses si se hace manualmente. Es por esto que automatizar este proceso es necesario, ya que si queremos descubrir una nueva especie o averiguar con cual especie de bacteria estamos tratando por ejemplo, podemos tomar una muestra de esta y compararla con una base de datos ya existente y hacerlo en cuestión de minutos

2. Objetivos General

- Implementar una librería en C++ que facilite el trabajo y procesamiento de secuencias de bases nitrogenadas y a su vez permita trabajar con bases de datos de cadenas de bases nitrogenadas (**BLAST**).

2.1. Objetivos Específicos

- Diseñar y estructurar las clases necesarias, que conformaran la Libreria para el manejo de bases nitrogenadas, con sus respectivas funciones.
- Desarrollar una aplicación que permita poner en práctica las funciones y clases perteneciente a la libreria para el manejo de bases nitrogenadas.
- Poner en práctica los conocimientos vistos en el curso de Estructuras Abstractas de Datos y Algoritmos para Ingeniería como lo son: el uso de Templates y el análisis de la efectividad.