

Alineamientos Múltiples

Permite alinear secuencias de aminoácidos y nucleótidos mediante el programa MUSCLE v3.8.31

- ① Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias en NT o AA que se quiera alinear.
- ② Seleccionar si se quiere conservar las inserciones (el alineamiento se hará sin secuencia de referencia).
- ③ Introducir 1 para alinear secuencias incompletas o para alineamientos pesados. Para secuencias con muchas mutaciones (incluyendo deleciones e inserciones), introducir el número total de secuencias del archivo de entrada para alineamientos ligeros, o una cifra entre 100-500 para alineamientos pesados.
- ④ Introducir la secuencia de referencia en NT o AA según los archivos de entrada y sin saltos de línea ni espacios.
- ⑤ Seleccionar la carpeta de salida sin nombrar el archivo. Se nombrará automáticamente como "Alineado_Nombre del archivo de entrada.fasta".
- ⑥ Pulsar Calcular.

La salida es un archivo .fasta con las secuencias alineadas.

Más información sobre esta función en el Manual de Usuario, apartado:

V. ALINEAMIENTOS V.1 ALINEAMIENTOS MÚLTIPLES