

# Homología Búsqueda de Secuencias Conservadas

Permite obtener fragmentos de secuencias conservadas a partir de un conjunto de secuencias de entrada pudiendo buscar en una región concreta, escoger la longitud del fragmento, y el porcentaje de conservación



- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar en NT o AA.
- 2 Seleccionar “Todo el Rango” cuando se quiera buscar en toda la longitud de las secuencias de entrada o “Seleccionar Rango” cuando se quiera buscar en una región concreta.
- 3 En caso de haber escogido “Seleccionar Rango”, introducir las posiciones de NT o AA que engloban la región donde se quiere buscar el fragmento conservado.
- 4 Definir el porcentaje de conservación mínimo que queremos que tengan los fragmentos para que aparezcan en los resultados.
- 5 Definir la longitud que se quiere que tengan los fragmentos resultantes.
- 6 Introducir la secuencia de referencia sin saltos de línea.
- 7 Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html.
- 8 Pulsar Calcular.

Homología Búsqueda de Secuencias Conservadas Longitud 10 - 10 Porcentaje Similitud 99.0				
Archivo	Longitud	Región	Fragmento	Frecuencia
PR_71_BF1.fasta	10	Región: 22 - 31	ALLDTGADDT	100.000%
PR_71_BF1.fasta	10	Región: 23 - 32	LLDTGADDTV	100.000%
PR_71_BF1.fasta	10	Región: 24 - 33	LDTGADDTV	100.000%
PR_71_BF1.fasta	10	Región: 25 - 34	DTGADDTVLE	100.000%
PR_130_A1B.fasta	10	Región: 4 - 13	TLWQRPLVTI	100.000%
PR_130_A1B.fasta	10	Región: 5 - 14	LWQRPLVTIK	100.000%
PR_130_A1B.fasta	10	Región: 19 - 28	LKEALLDTGA	100.000%

El archivo .html es una tabla con el nombre del archivo de entrada, la longitud del fragmento, la región donde se ha encontrado el fragmento y la secuencia resultante con el porcentaje de conservación coloreado según el código de colores.

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

### III. HOMOLOGÍA III.3 BÚSQUEDA DE SECUENCIAS CONSERVADAS