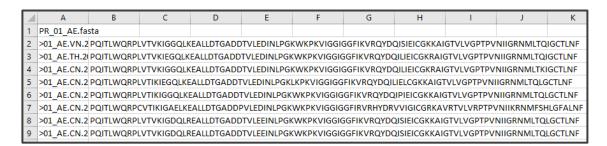
Herramientas Búsqueda de Secuencias

Permite cribar las secuencias de archivos .fasta que contengan una o varias mutaciones escogidas por el usuario.



- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta que se quieren cribar.
- 2 Escoger el formato de salida entre una tabla .csv o archivos .fasta.
- 3 Introducir una o varias mutaciones para el cribado separadas por "," y sin espacios.
- 4 Seleccionar la carpeta de salida sin introducir el nombre del archivo para formato .fasta o introduciendo el nombre seguido de .csv para el formato .csv.
- 5 Pulsar Calcular.



El formato .csv genera una tabla donde aparece cada archivo analizado seguido de las secuencias cribadas. En el caso de aparecer filas vacías corresponderían a secuencias del archivo de entrada donde no se han encontrado las mutaciones escogidas.

El formato .fasta genera un archivo .fasta por cada archivo introducido con las secuencias que contengan las mutaciones escogidas.

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

VI. HERRAMIENTAS VI.1 EDICIÓN DE ARCHIVOS VI.1.C) BÚSQUEDA DE SECUENCIAS

- página 162 -