

Homología Similitud

Permite buscar una secuencia problema introducida por el usuario entre las secuencias del archivo de entrada, obteniendo la proporción de secuencias por archivo que contienen la secuencia problema.



- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar alineadas en NT o AA (1 archivo o varios).
- 2 Introducir la secuencia problema (ej: KLKPGMDGPKVK).
- 3 Introducir las posiciones de la proteína de entrada que engloban la región donde se quiere buscar.
- 4 Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html.
- 5 Pulsar Calcular.

Homología Similitud Rango 5 - 20		
Secuencia Problema: WQRPLVT		
Archivo	Frecuencia	Secuencias Totales
PR_01_AE.fasta	76.643%	26849
PR_02_AG.fasta	64.728%	9577
PR_03_A6B.fasta	69.355%	310
PR_04_cpx.fasta	53.333%	15
PR_05_DF.fasta	4.167%	24
PR_06_cpx.fasta	61.126%	746
PR_07_BC.fasta	76.695%	10916

El archivo .html es una tabla con la secuencia problema, el nombre de los archivos de entrada, la frecuencia de aparición de la secuencia problema en cada archivo, coloreada según el código de colores, y el número total de secuencias del archivo analizado.

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

III. HOMOLOGÍA III.1 SIMILITUD