

## Rastreador Flanqueantes

**Permite buscar proteínas dentro de un conjunto de secuencias genómicas completas utilizando las secuencias flanqueantes de la proteína buscada**

- ① Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias en NT donde se quiere buscar.
- ② Seleccionar aminoácidos o nucleótidos según si se quiere que el archivo de salida esté o no traducido.
- ③ Introducir en cifras el rango de la secuencia genómica donde se quiere buscar la proteína de interés en NT.
- ④ Introducir en cifras la longitud de proteína que se está buscando en AA.
- ⑤ Introducir los 15 AA anteriores y posteriores a la proteína de interés que se está buscando.
- ⑥ Seleccionar la carpeta de salida sin nombrar el archivo. Se nombrará automáticamente como Rastreado\_Flanqueantes\_Nombre del archivo de entrada.fasta.
- ⑦ Pulsar Calcular.

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

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

### IV. RASTREADOR IV.2 FLANQUEANTES