

Homología Similitud Parcial

Compara una secuencia introducida por el usuario con las secuencias de entrada para buscar regiones similares entre ambas, definiendo el porcentaje de similitud.

- ① Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar en NT o AA.
- ② Introducir la longitud de los fragmentos en que se dividen las secuencias para compararse.
- ③ Introducir el porcentaje de similitud mínimo.
- ④ Seleccionar “Alinear” para un análisis exhaustivo o “No Alinear” para uno más rápido.
- ⑤ Introducir la secuencia con la que comparar el archivo de entrada sin saltos de línea ni espacios.
- ⑥ Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html.
- ⑦ Pulsar Calcular.

Homología Similitud Parcial Porcentaje Conservación 50.0%				
Archivo	Secuencia	Secuencia Introducida	Secuencia Encontrada	Similitud
PR_D.fasta	>D.ET.2003.ETH_G_230.AB285830	GHRATGTVLV	GTDTTITVNV	50.000%
PR_D.fasta	>D.ET.2003.ETH_G_230.AB285830	IGRNLLTQLG	NGMNGRTILG	50.000%
PR_D.fasta	>D.ET.2003.ETH_G_230.AB285830	GRNLLTQLGC	GMNGRTILGS	50.000%
PR_D.fasta	>D.ET.2003.ETH_G_230.AB285830	NLLTQLGCTL	NGRTILGSAL	50.000%

El archivo .html es una tabla con el nombre del archivo de entrada, el encabezado de sus secuencias, un fragmento de la secuencia introducida, el fragmento encontrado y el porcentaje de similitud coloreado según el código de colores.

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

III. HOMOLOGÍA III.2 SIMILITUD PARCIAL