

Herramientas Traducción

Permite traducir secuencias .fasta de nucleótidos a aminoácidos



- ① Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta en NT que se quieren traducir.
- ② Seleccionar la casilla “Traducir” para llevar a cabo la función.
- ③ Opcionalmente, seleccionar la casilla “Eliminar gaps”.
- ④ Seleccionar el marco de lectura para establecer el NT del primer codón. Suele ser Marco 1 (siempre que estén en fase).
- ⑤ Seleccionar la carpeta de salida sin introducir el nombre del archivo. Se nombrará automáticamente como “Traducido_Nombre del archivo de entrada.fasta” o “Traducido_Sin_Gaps_Nombre del archivo de entrada.fasta”.
- ⑥ Pulsar Calcular.

Se obtendrá un archivo .fasta con las mismas secuencias que el de entrada pero traducidas a aminoácidos.

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

VI. HERRAMIENTAS VI.3 TRADUCCIÓN