SARS-CoV-2 Rastreador de Proteínas

Genera secuencias en formato .fasta de las proteínas que se escojan del SARS-CoV-2 a partir de genomas completos, en nucleótidos o aminoácidos



- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de los genomas completos de SARS-CoV-2 para rastrear, en NT (1 archivo o varios).
- (2) Seleccionar la proteína que se quiere rastrear.
- 3 Seleccionar si se quiere que el archivo de salida esté traducido a AA o no.
- Seleccionar la carpeta de salida. El archivo se nombrará automáticamente de la siguiente forma: Proteína seleccionada_Rastreado_Nombre del archivo de entrada.fasta
- 5 Pulsar Calcular.

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

- I. VIRUS I.2 SARS-CoV-2 RASTREADOR DE PROTEÍNAS
- página 39 -