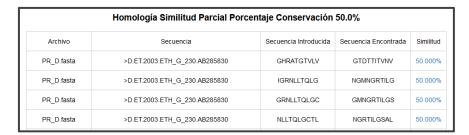
Homología Similitud Parcial

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.



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
- página 115 -