

## Rastreador Similitud

**Permite buscar secuencias de interés dentro de un conjunto de secuencias más largas a partir de una secuencia de referencia**

- ① Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar en NT o AA.
- ② Seleccionar si se quiere traducir o no la secuencia resultante.
- ③ Seleccionar “Rango Completo” si se quiere buscar en toda la longitud de las secuencias de entrada o “Seleccionar Rango” para buscar en una región concreta.
- ④ Si se ha escogido “Seleccionar Rango”, introducir las posiciones que engloban la región donde se quiere buscar.
- ⑤ Definir el porcentaje de similitud mínimo que tendrán las secuencias de salida con respecto a la secuencia de referencia.
- ⑥ Introducir la secuencia de referencia sin saltos de línea ni espacios.
- ⑦ Seleccionar la carpeta de salida sin nombrar el archivo. Se nombrará automáticamente como Rastreado\_Similitud\_Nombre del archivo de entrada.fasta
- ⑧ 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.1 SIMILITUD