

ClustalW

Qué es ClustalW?

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) es un programa bioinformático de alineamiento de secuencias biológicas, ya sea de ADN, ARN o de proteínas, comparando una secuencia problema con múltiples secuencias dentro de una base de datos.

Alineamiento múltiple con un archivo de secuencias.

clustalw - Herramienta para alineamiento múltiple de secuencias.

1. **Ejecutar el alineamiento múltiple con clustalw**

```
clustalw -infile=input.fasta -seqnos=0N  
-gapopen=2 -gapext=0.5
```

Alineamiento múltiple interactivo.

1. Ejecutar desde la terminal **clustalw**
2. Seleccionar la opción 1 "Sequence Input From Disc" especificar el nombre del archivo de entrada.
3. Seleccionar la opción 2 "Multiple alignments".
4. Seleccionar la opción 9 "Output format options", a continuación seleccionar la opción 3 "Toggle GCG/MSF

format output" para guardar la salida en formato "MSF".

5. Presionar la tecla Enter para regresar al menú anterior.
6. Seleccionar la opción 1 "Do complete multiple alignment now (Slow/Accurate)"

Recursos

Great symbol look-up site: Bash commands ReferenceDev
[Journal 101 Bash commands for beginners to experts](#)

José Manuel S, <http://github.com/J0MS/>