BLAST GBSSI

# NCBI

## Nucleotid BLAST

Usando GBSSI\_cDNA.fa:

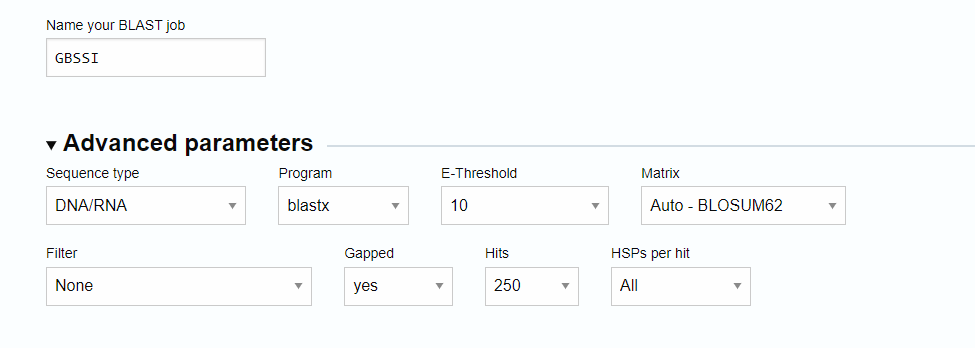
# Phytozome

Se seleccionan todas las especies disponibles:

Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación

Descripción generada automáticamente

# UniProt



Ejecución del programa:

Para usar el programa es necesario instalar la VM de Linux de Windows. Si no lo tiene instalado puede hacer usando el siguiente comando en el CMD o PowerShell:

wsl --install

Después de finalizada la instalación de WSL, reiniciar el equipo.

Luego se debe instalar Mview en WSL:

Descargar: <https://sourceforge.net/projects/bio-mview/files/bio-mview/mview-1.67/>

Desde WSL: cd /

Cargar el archivo en un directorio nuevo (Ejemplo, \\wsl.localhost\Ubuntu\mview\mview-1.67-zip)

Interfaz de usuario gráfica, Texto, Aplicación

Descripción generada automáticamente

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

Descripción generada automáticamente

Interfaz de usuario gráfica, Aplicación

Descripción generada automáticamente

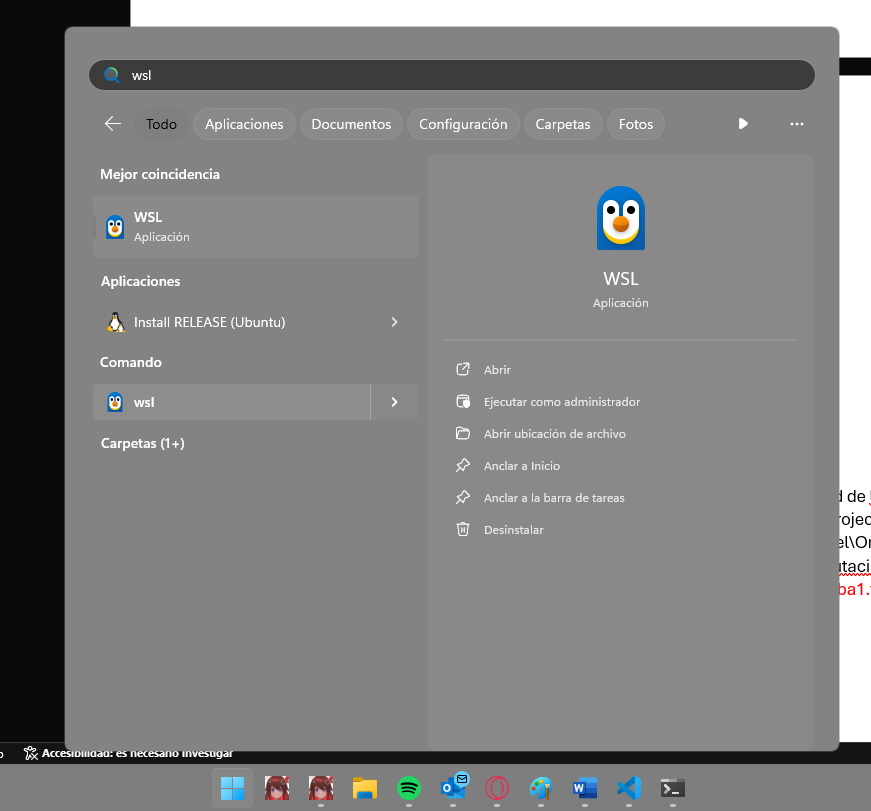
Captura de pantalla de un celular

Descripción generada automáticamente

Requerimiento 1, carga de archivos a formato FASTA:

Para esto es necesario abrir la terminal de WSL de la siguiente forma:

1. Buscar con Tecla Windows WSL:



1. Abrir WSL:

Texto

Descripción generada automáticamente

Para transformar archivos Blast a formato Fasta escriba en la terminal:

Mview -in blast -out fasta [PATH/archive\_a\_transformar.nofasta] > [PATH/FastaFiles/nombre\_del\_archivo.fa]

Ejemplo: mview -in blast -out fasta C:\Users\Michael\OneDrive - Universidad de los Andes\9no Semestre Final\Algoritmos en Biologia Computacional\Tarea 1\Project\BioMedic-SecuenceTranlation-Task1\BlastFiles\seqdump\_blastn.txt > C:\Users\Michael\OneDrive - Universidad de los Andes\9no Semestre Final\Algoritmos en Biologia Computacional\Tarea 1\Project\BioMedic-SecuenceTranlation-Task1\FastaFiles\ArchivoFastaPrueba1.fa