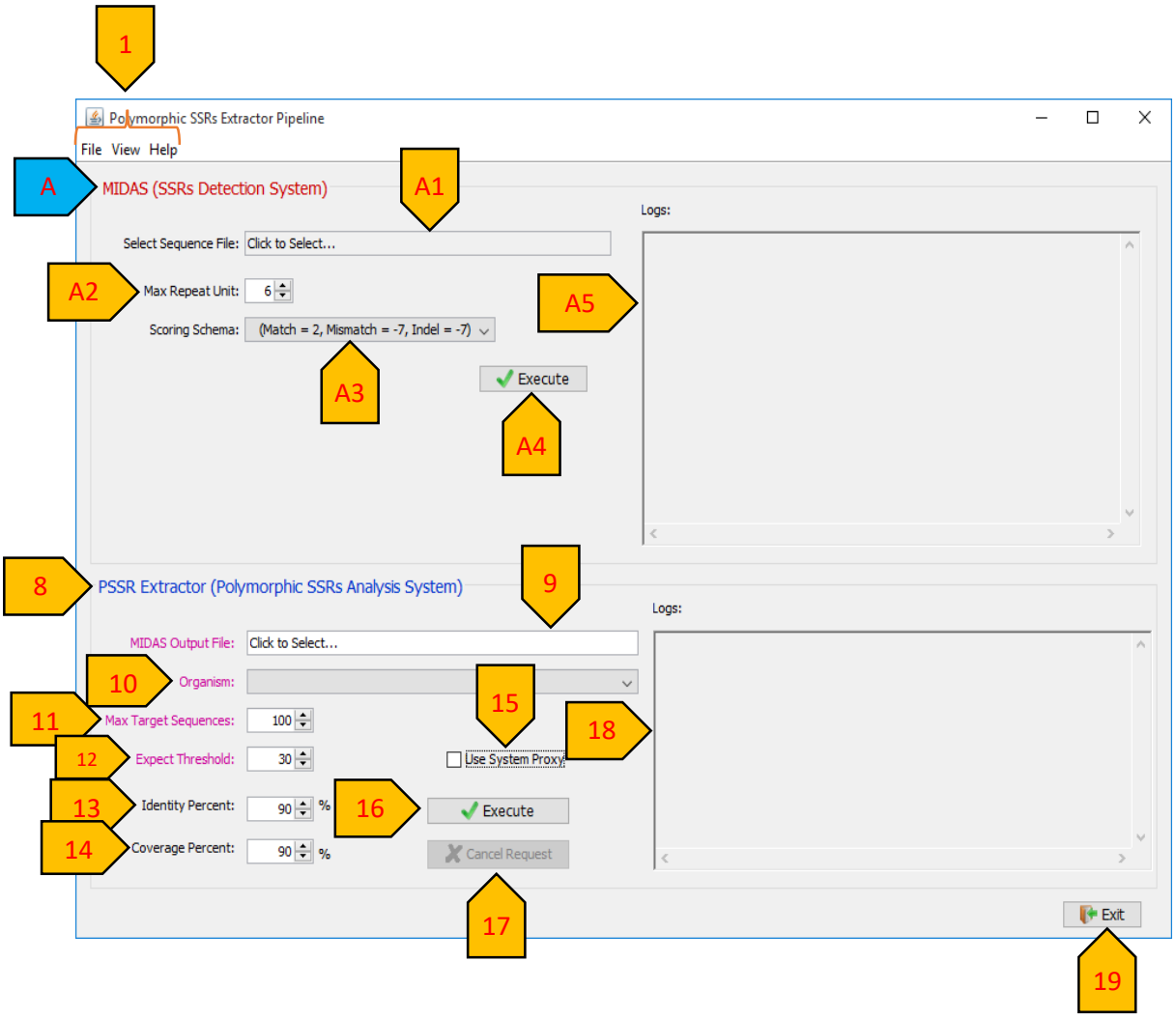
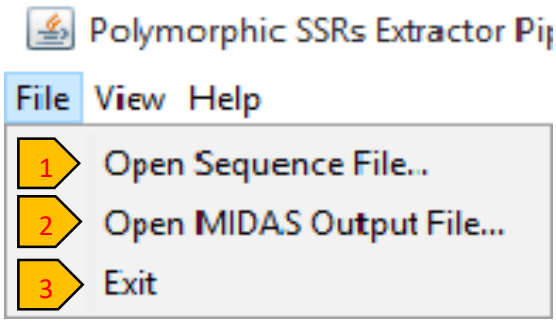


Resumen:

(1) Barra de menú del programa:

(A) Archivo:

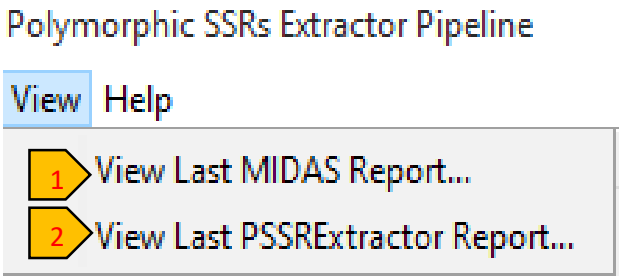


(1) Permite seleccionar el fichero (genoma a escanear en formato FA, FASTA, GBK o GBF ambos de tipo simple o multi-locus) a analizar con MIDAS [1].

(2) Permite seleccionar el fichero (SSR extraídos con MIDAS en formato MFAA) a analizar con PSSR extractor.

(3) Cierra la aplicación.

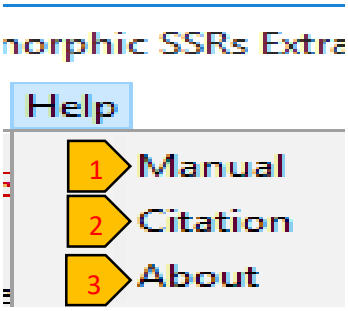
(B) Vista:



(1) Acceso directo al último reporte de MIDAS.

(2) Acceso directo al último reporte de PSSRExtractor.

(C) Ayuda:



(1) Acceso al manual de usuario.

(2)PDF: Metodología para el minado *in sílico* de *loci* polimórficos en microsatélites [2].

(3) Versión de la aplicación, autores, año de creación y copyright.

MIDAS:

(2) Aplicación para la detección de microsatélites (SSRs) exactos e inexactos.

El TextField (3) permite seleccionar el nombre del fichero (genoma a escanear en formato FASTA o GBFF ambos de tipo simple o multi-locus).

“Max target repeat” (4) fija el tamaño máximo de la unidad repetida a escanear en el genoma.

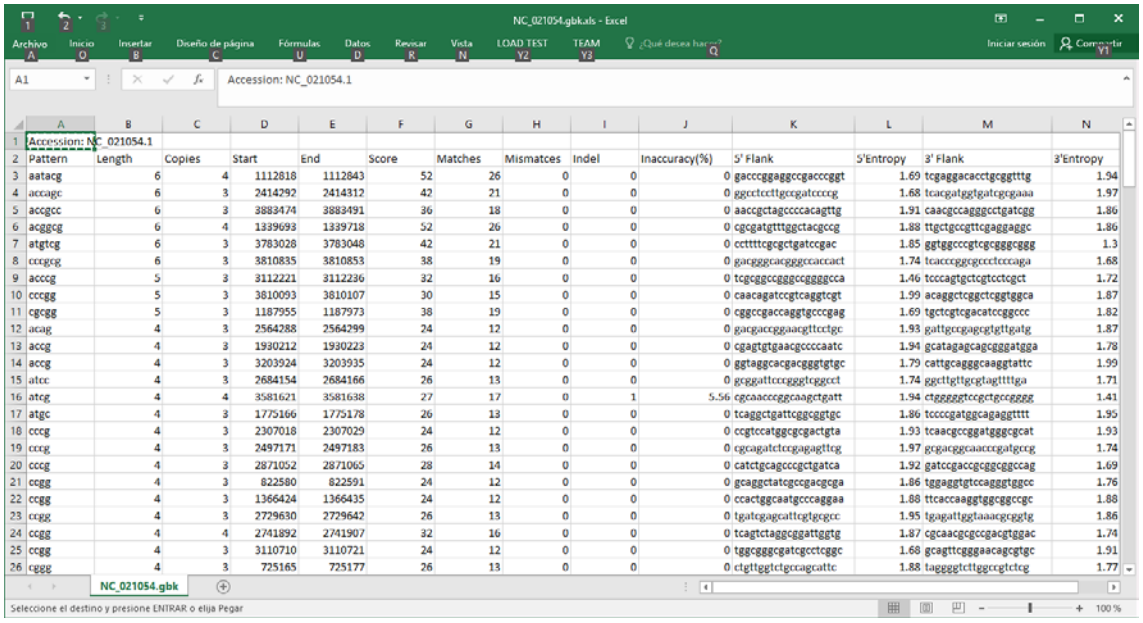
“Scoring Schema” (5) esquema de parámetros del alineamiento para match, mismatch e indel.

En el TextArea (**6**) se informará el estado actual de la ejecución de la aplicación (**1**).

Salidas de MIDAS:

Como salidas MIDAS devuelve tres ficheros de tipo texto que tienen como nombre el fichero de entrada y las extensiones .xls, .dat y .mfaa (el .xls para abrir directamente con Excel u otra aplicación de hojas de cálculo).

Fichero .xls:



Accession: NC_021054.1

Pattern	Length	Copies	Start	End	Score	Matches	Mismatces	Indel	Inaccuracy(%)	5' Flank	5'Entropy	3' Flank	3'Entropy
aatacg	6	4	1112818	1112843	52	26	0	0	0	gacccggaggccgacccggt	1.69	tcgaggacacctgcggtttg	1.94
accagc	6	3	2414292	2414312	42	21	0	0	0	ggcctcctlgccgatccccg	1.68	tcacgatggtgatcggcaaa	1.97
accgcc	6	3	3883474	3883491	36	18	0	0	0	aaccgctagccccacagttg	1.91	caacgccagggcctgatcgg	1.86
acggcg	6	4	1339693	1339718	52	26	0	0	0	cgcgatgtttggctacgccg	1.88	ttgctgccgttcgaggaggc	1.86
atgtcg	6	3	3783028	3783048	42	21	0	0	0	ccttttcgcgctgatccgac	1.85	ggtggcccgtcgcgggcggg	1.3
ccgcgg	6	3	3810835	3810853	38	19	0	0	0	tcacgggcacgggcccaccact	1.74	tcacccggcgccctcccaga	1.68
acccg	5	3	3112221	3112236	32	16	0	0	0	tcgcggccgggccgggggcca	1.46	tcccagtgctcgtcctcgct	1.72
cccgg	5	3	3810093	3810107	30	15	0	0	0	caacagatccgtcaggtcgt	1.99	acaggctcggctcggtggca	1.87
cgcgg	5	3	1187955	1187973	38	19	0	0	0	cggccgaccaggtgcccgag	1.69	tgctcgtcgacatccggccc	1.82
acag	4	3	2564288	2564299	24	12	0	0	0	gacgaccggaacgttcctgc	1.93	gattgccgagcgtgttgatg	1.87
accg	4	3	1930212	1930223	24	12	0	0	0	cgagtgtgaacgccccaatc	1.94	gcatagagcagcgcgggatgga	1.78
accg	4	3	3203924	3203935	24	12	0	0	0	ggtaggcacgacgggtgtgc	1.79	cattgcagggcaaggtattc	1.99
atcc	4	3	2684154	2684166	26	13	0	0	0	gcggattcccgggtcggcct	1.74	ggcttgttgcgtagttttga	1.71
atcg	4	4	3581621	3581638	27	17	0	1	5.56	cgcaacccggcaagctgatt	1.94	ctgggggtccgctgccgggg	1.41
atgc	4	3	1775166	1775178	26	13	0	0	0	tcaggctgattcggcggtgc	1.86	tccccgatggcagaggtttt	1.95
cccg	4	3	2307018	2307029	24	12	0	0	0	ccgtccatggcgcgactgta	1.93	tcaacgccgggatgggcgcat	1.93
cccg	4	3	2497171	2497183	26	13	0	0	0	cgcagatctccgagagttcg	1.97	gcgacggcaacccgatgccg	1.74
cccg	4	3	2871052	2871065	28	14	0	0	0	catctgcagcccgctgatca	1.92	gatccgaccgcggcggccag	1.69
ccgg	4	3	822580	822591	24	12	0	0	0	gcaggctatcgccgacgcga	1.86	tggaggtgtccagggtggcc	1.76
ccgg	4	3	1366424	1366435	24	12	0	0	0	ccactggcaatgcccaggaa	1.88	ttcaccaaggtggcggccgc	1.88
ccgg	4	3	2729630	2729642	26	13	0	0	0	tgatcgagcattcgtgcgcc	1.95	tgagattggtaaacgcgggtg	1.86
ccgg	4	4	2741892	2741907	32	16	0	0	0	tcagtctaggcggattggtg	1.87	cgcaacgcgccgcagtggac	1.74
ccgg	4	3	3110710	3110721	24	12	0	0	0	tggcgggcgatcgcctcggc	1.68	gcagttcgggaacagcgtgc	1.91
cggg	4	3	725165	725177	26	13	0	0	0	ctgttggtctgccagcattc	1.88	taggggtcttggccgtctcg	1.77

Columnas del Fichero .xls:

Pattern: Motivo.

Length: Tamaño de la unidad repetida.

Copies: Número de copias.

Start: Posición inicial en el genoma.

End: Posición final en el genoma.

Score: Puntuación del alineamiento.

Matches: Bases coincidentes.

Mismatches: Bases no coincidentes.

Indel: Inserciones y supresiones de bases.

Inaccuracy: % de inexactitud del repetido, medida de imperfección del mismo.

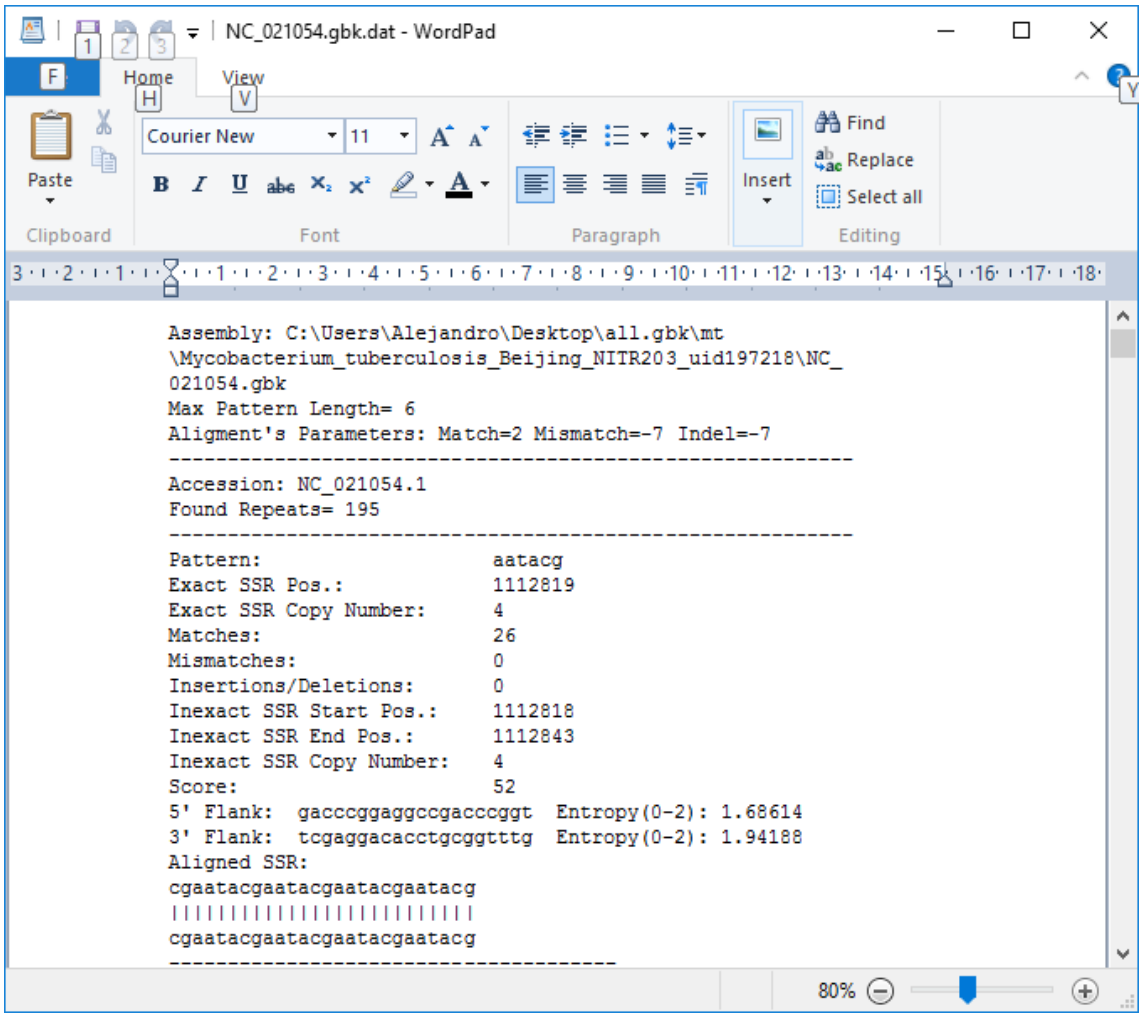
5' Flank: Secuencia flanco al extremo 5'.

5' Entropy: Entropía composicional del flanco 5´.

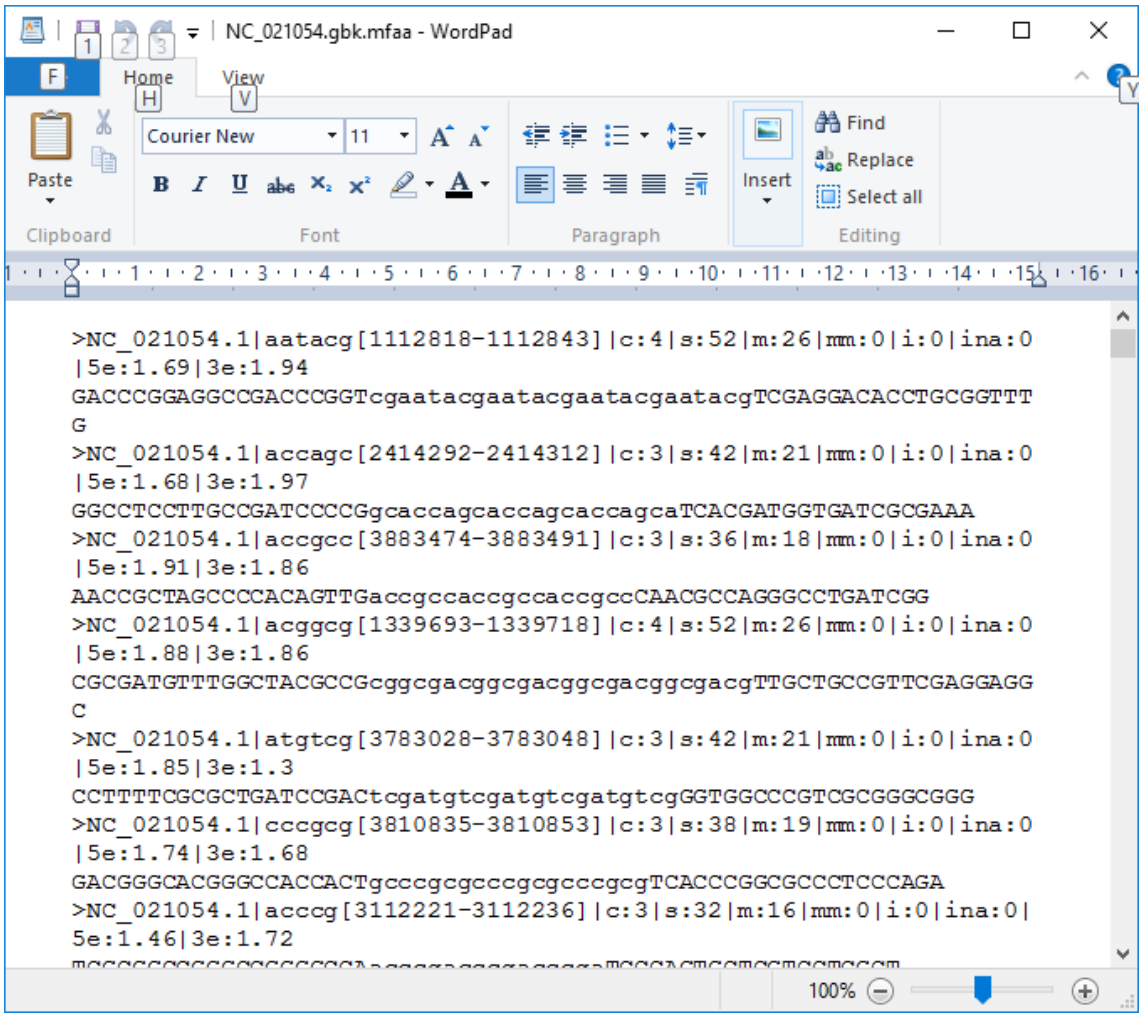
3' Flank: Secuencia flanco al extremo 3´.

3' Entropy: Entropía composicional del flanco 3´.

Fichero .dat: Presenta en forma no tabular los datos anteriores y permite visualizar el alineamiento de secuencia:



Fichero .mfaa: Presenta los microsatélites detectados en formato multi-fasta, en el cual la región del repetido está marcada en minúscula y los flancos en mayúscula:



El encabezado de este fichero presenta información como el número de acceso del GenBank, el motivo y las posiciones en el genoma.

PSSR Extractor:

(**8**) Aplicación que permite detectar el polimorfismo en microsatélites (resultados del MIDAS).

El TextField (**9**) permite seleccionar los resultados del MIDAS (MultiFASTA salida de MIDAS) para analizar, las cuáles serán las consultas(query) en BLAST.

En ComboBox (**10**) se selecciona el organismo al que pertenecen las secuencias cargadas en **9** el cual a su vez es el organismo en el que BLAST hará la búsqueda de similaridad utilizando las secuencias cargadas en **9** y el genoma del organismo seleccionado en **10**.

"Max target sequences" [3] (**11**) fija el máximo de secuencias similares que BLAST salvará por query (resultados del MIDAS).

El "Expect threshold" [3](**12**) filtra secuencias que son menos significativas con un Expect value superior al seleccionado.

(**13**) El porciento de la palabra en que dos secuencias (de nucleótidos) tienen los mismos residuos en las mismas posiciones en el mismo alineamiento [3].

"Coverage percent" [2](**14**) representa en que porciento dos secuencias (query y subject) tienen la misma cantidad de nucleótidos.

"Use System Proxy" (**15**), si la conexión del ordenador en el que se está ejecutando este programa tiene proxy entonces esta opción debe ser marcada.

(**16**) Ejecuta el programa acorde a los parámetros definidos previamente.

(**17**) Cancela la ejecución del programa. Este botón se activa luego de pulsar "ejecutar" (**16**).

En el TextArea (**18**) se informará el estado actual de la ejecución de la aplicación (**8**).

(**19**) Salida del programa, este botón cerrará la ventana.

Nota: BLAST posee más parámetros que los expuestos anteriormente, pero para el análisis (análisis de polimorfismo en microsatélites) que se pretende hacer con este programa es necesario que estos se mantengan constantes. A continuación, se exponen dichos parámetros y el valor que tienen por defecto:

QUERY_BELIEVE_DEFLINE: false.

DATABASE: nr.

LCASE_MASK: true.

FILTER: F.

FORMAT_TYPE: Tabular.

PROGRAM: blastn.

CLIENT: web.

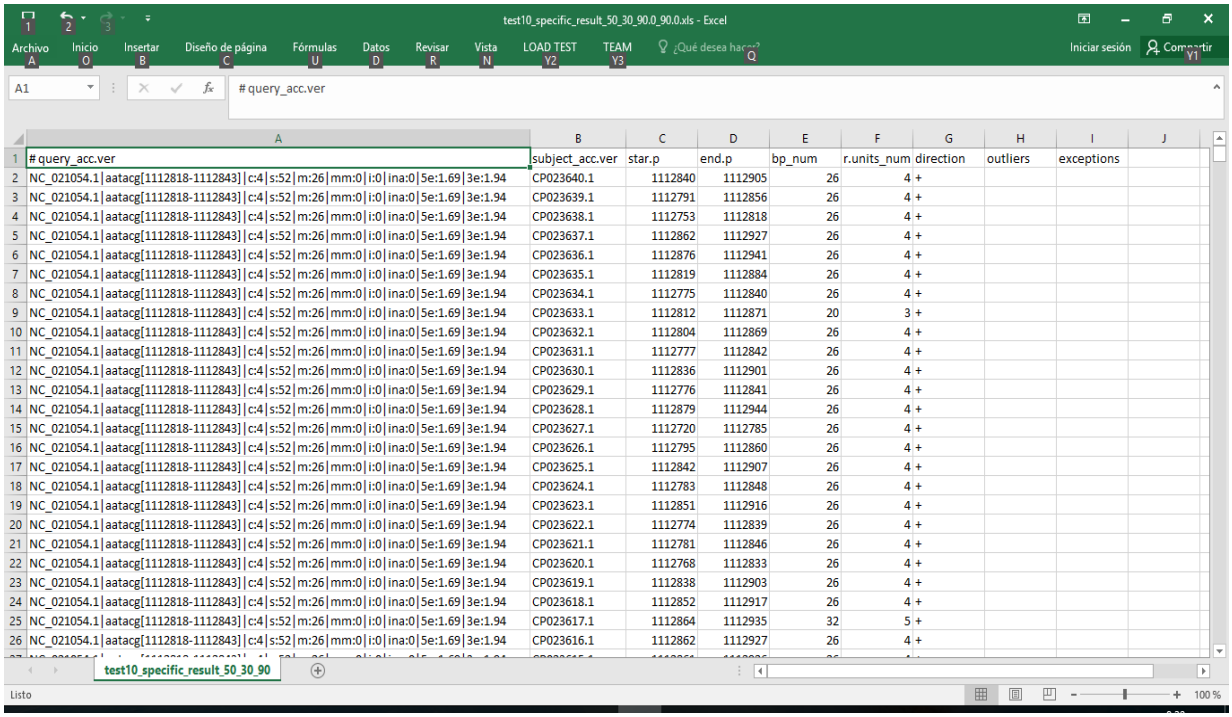
BLAST_PROGRAM: blastn.

Dichos parámetros se utilizan cuando se accede a BLAST mediante RESTful BLAST (QBlast, BLAST URLAPI).

Salidas de PSSR Extractor:

Luego de obtener el resultado en forma de hit table del programa BLAST, PSSRextractor procesa dicho archivo y genera dos ficheros (de tipo .xls) de resultados, uno detallado y otro genérico, con nombres iguales al de la *hit-table,* pero con los sufijos _ specific_result y _generic_result respectivamente:

Resultado específico: Brinda información sobre cada *subject* procesado.



# query_acc.ver	subject_acc.ver	star.p	end.p	bp_num	r.units_num	direction	outliers	exceptions
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023640.1	1112840	1112905	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023639.1	1112791	1112856	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023638.1	1112753	1112818	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023637.1	1112862	1112927	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023636.1	1112876	1112941	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023635.1	1112819	1112884	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023634.1	1112775	1112840	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023633.1	1112812	1112871	20	3	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023632.1	1112804	1112869	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023631.1	1112777	1112842	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023630.1	1112836	1112901	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023629.1	1112776	1112841	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023628.1	1112879	1112944	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023627.1	1112720	1112785	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023626.1	1112795	1112860	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023625.1	1112842	1112907	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023624.1	1112783	1112848	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023623.1	1112851	1112916	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023622.1	1112774	1112839	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023621.1	1112781	1112846	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023620.1	1112768	1112833	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023619.1	1112838	1112903	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023618.1	1112852	1112917	26	4	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023617.1	1112864	1112935	32	5	+		
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	CP023616.1	1112862	1112927	26	4	+		

Columnas del resultado específico:

query_acc_ver: Versión de acceso de la secuencia de entrada (o otro tipo de término de busca) con la cual todas las secuencias en una base de datos van a ser comparadas [3].

subject_acc_ver: Versión de acceso de una secuencia de la base de datos (subject) que es comparada con la secuencia de consulta (query) [3].

start.p: Posición inicial del subject.

end.p: Posición final del subject.

Nota: Las posiciones que brindan start.p y end.p incluyen los flancos que rodean al microsatélite.

Nota: start.p > end.p si subject tiene dirección de 3’ a 5’ o sea si subject es una secuencia “reverso complemento” puesto que blastn toma en cuenta estas secuencias en su búsqueda de similaridad.

bp_num: Número de pares de bases nitrogenadas entre dos flancos.

r.units: Número de unidades repetidas de bases nitrogenadas entre dos flancos.

direction: Dirección del subject: “+” si la dirección de la secuencia es de 5’ a 3’ y “-” si la dirección de la secuencia es de 3’ a 5’.

outliers: Se representa con “*” (en caso de que se cumpla, de lo contrario la celda aparece en blanco) los cuales pueden variar de 1 a 5 “*” y significa que la cantidad de unidades repetidas entre los flancos de los *subjects* es dudosa por ser muy grande, siendo improbable que exista un microsatélite entre ellos.

Nota: Los valores de corte establecidos(límites) para establecer esta excepción fueron mononucleótido: 157 bp, dinucleótido: 364 bp, trinucleótido: 109 bp, tetranucleótido: 45 bp, pentanucleótido: 150 bp y hexanucleótido: 193 bp. Estos valores fueron definidos después de procesar todos los SSR de más de 200 genomas bacterianos, registrando sus tamaños, y estableciendo el corte en 3 veces el rango intercuartil:

*: Significa que bp_num > límite.

**: Significa que bp_num ≥ dos veces el límite.

***: Significa que bp_num ≥ tres veces el límite.

****: Significa que bp_num ≥ cuatro veces el límite.

*****: Significa que bp_num ≥ cinco veces el límite.

exceptions: muestran etiquetas que corresponden a excepciones:

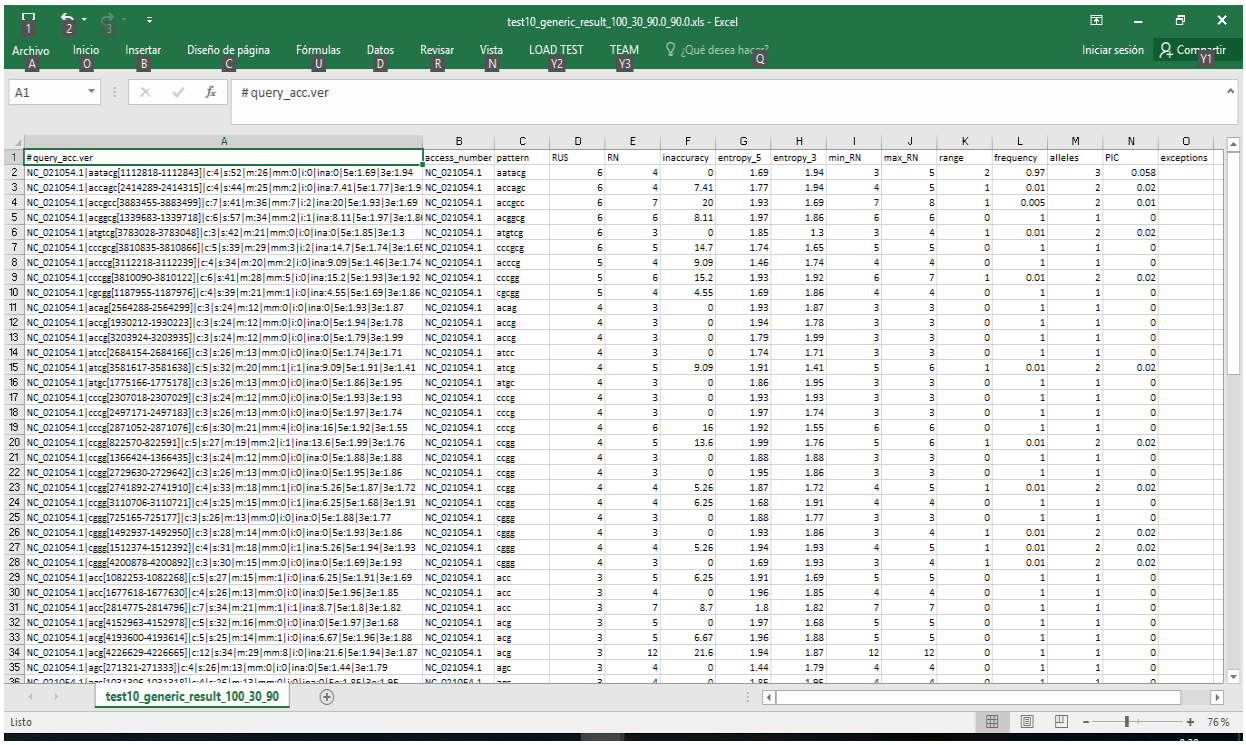
“D” (*degenerated*): Los *subjects* tiene un **Identity Percent** < 90% y/o un **Coverage Percent** < 90%.

“NF” (*not found*): No se encontró ningún *subject* en la base de datos con similitud.

“O” (*outlier*).

“U” (*unpair*): Para una misma secuencia *subject* aparece un flanco y no el otro.

Resultado genérico: Brinda la información relacionada al polimorfismo para cada *query*, es decir para cada SSR.



# query_acc.ver	access_number	pattern	RUS	RN	inaccuracy	entropy_5	entropy_3	min_RN	max_RN	range	frequency	alleles	PIC	exceptions
NC_021054.1|aatacg[1112818-1112843]|c:4|s:52|m:26|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.94	NC_021054.1	aatacg	6	4	0	1.69	1.94	3	5	2	0.97	3	0.058	
NC_021054.1|accagc[2414289-2414315]|c:4|s:44|m:25|mm:2|i:0|ina:7.41|5e:1.77|3e:1.9	NC_021054.1	accagc	6	4	7.41	1.77	1.94	4	5	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|accgcc[3883455-3883499]|c:7|s:41|m:36|mm:7|i:2|ina:20|5e:1.93|3e:1.69	NC_021054.1	accgcc	6	7	20	1.93	1.69	7	8	1	0.005	2	0.01	
NC_021054.1|acggcg[1339683-1339718]|c:6|s:57|m:34|mm:2|i:1|ina:8.11|5e:1.97|3e:1.8	NC_021054.1	acggcg	6	6	8.11	1.97	1.86	6	6	0	1	1	0	
NC_021054.1|atgtcg[3783028-3783048]|c:3|s:42|m:21|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.85|3e:1.3	NC_021054.1	atgtcg	6	3	0	1.85	1.3	3	4	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|cccgcg[3810835-3810866]|c:5|s:39|m:29|mm:3|i:2|ina:14.7|5e:1.74|3e:1.65	NC_021054.1	cccgcg	6	5	14.7	1.74	1.65	5	5	0	1	1	0	
NC_021054.1|acccg[3112218-3112239]|c:4|s:34|m:20|mm:2|i:0|ina:9.09|5e:1.46|3e:1.74	NC_021054.1	acccg	5	4	9.09	1.46	1.74	4	4	0	1	1	0	
NC_021054.1|cccgg[3810090-3810122]|c:6|s:41|m:28|mm:5|i:0|ina:15.2|5e:1.93|3e:1.92	NC_021054.1	cccgg	5	6	15.2	1.93	1.92	6	7	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|cgcgg[1187955-1187976]|c:4|s:39|m:21|mm:1|i:0|ina:4.55|5e:1.69|3e:1.86	NC_021054.1	cgcgg	5	4	4.55	1.69	1.86	4	4	0	1	1	0	
NC_021054.1|acag[2564288-2564299]|c:3|s:24|m:12|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.93|3e:1.87	NC_021054.1	acag	4	3	0	1.93	1.87	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|accg[1930212-1930223]|c:3|s:24|m:12|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.94|3e:1.78	NC_021054.1	accg	4	3	0	1.94	1.78	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|accg[3203924-3203935]|c:3|s:24|m:12|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.79|3e:1.99	NC_021054.1	accg	4	3	0	1.79	1.99	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|atcc[2684154-2684166]|c:3|s:26|m:13|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.74|3e:1.71	NC_021054.1	atcc	4	3	0	1.74	1.71	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|atcg[3581617-3581638]|c:5|s:32|m:20|mm:1|i:1|ina:9.09|5e:1.91|3e:1.41	NC_021054.1	atcg	4	5	9.09	1.91	1.41	5	6	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|atgc[1775166-1775178]|c:3|s:26|m:13|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.86|3e:1.95	NC_021054.1	atgc	4	3	0	1.86	1.95	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|cccg[2307018-2307029]|c:3|s:24|m:12|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.93|3e:1.93	NC_021054.1	cccg	4	3	0	1.93	1.93	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|cccg[2497171-2497183]|c:3|s:26|m:13|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.97|3e:1.74	NC_021054.1	cccg	4	3	0	1.97	1.74	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|cccg[2871052-2871076]|c:6|s:30|m:21|mm:4|i:0|ina:16|5e:1.92|3e:1.55	NC_021054.1	cccg	4	6	16	1.92	1.55	6	6	0	1	1	0	
NC_021054.1|ccgg[822570-822591]|c:5|s:27|m:19|mm:2|i:1|ina:13.6|5e:1.99|3e:1.76	NC_021054.1	ccgg	4	5	13.6	1.99	1.76	5	6	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|ccgg[1366424-1366435]|c:3|s:24|m:12|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.88|3e:1.88	NC_021054.1	ccgg	4	3	0	1.88	1.88	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|ccgg[2729630-2729642]|c:3|s:26|m:13|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.95|3e:1.86	NC_021054.1	ccgg	4	3	0	1.95	1.86	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|ccgg[2741892-2741910]|c:4|s:33|m:18|mm:1|i:0|ina:5.26|5e:1.87|3e:1.72	NC_021054.1	ccgg	4	4	5.26	1.87	1.72	4	5	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|ccgg[3110706-3110721]|c:4|s:25|m:15|mm:0|i:1|ina:6.25|5e:1.68|3e:1.91	NC_021054.1	ccgg	4	4	6.25	1.68	1.91	4	4	0	1	1	0	
NC_021054.1|cggg[725165-725177]|c:3|s:26|m:13|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.88|3e:1.77	NC_021054.1	cggg	4	3	0	1.88	1.77	3	3	0	1	1	0	
NC_021054.1|cggg[1492937-1492950]|c:3|s:28|m:14|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.93|3e:1.86	NC_021054.1	cggg	4	3	0	1.93	1.86	3	4	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|cggg[1512374-1512392]|c:4|s:31|m:18|mm:0|i:1|ina:5.26|5e:1.94|3e:1.93	NC_021054.1	cggg	4	4	5.26	1.94	1.93	4	5	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|cggg[4200878-4200892]|c:3|s:30|m:15|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.69|3e:1.93	NC_021054.1	cggg	4	3	0	1.69	1.93	3	4	1	0.01	2	0.02	
NC_021054.1|acc[1082253-1082268]|c:5|s:27|m:15|mm:1|i:0|ina:6.25|5e:1.91|3e:1.69	NC_021054.1	acc	3	5	6.25	1.91	1.69	5	5	0	1	1	0	
NC_021054.1|acc[1677618-1677630]|c:4|s:26|m:13|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.96|3e:1.85	NC_021054.1	acc	3	4	0	1.96	1.85	4	4	0	1	1	0	
NC_021054.1|acc[2814775-2814796]|c:7|s:34|m:21|mm:1|i:1|ina:8.7|5e:1.8|3e:1.82	NC_021054.1	acc	3	7	8.7	1.8	1.82	7	7	0	1	1	0	
NC_021054.1|acg[4152963-4152978]|c:5|s:32|m:16|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.97|3e:1.68	NC_021054.1	acg	3	5	0	1.97	1.68	5	5	0	1	1	0	
NC_021054.1|acg[4193600-4193614]|c:5|s:25|m:14|mm:1|i:0|ina:6.67|5e:1.96|3e:1.88	NC_021054.1	acg	3	5	6.67	1.96	1.88	5	5	0	1	1	0	
NC_021054.1|acg[4226629-4226665]|c:12|s:34|m:29|mm:8|i:0|ina:21.6|5e:1.94|3e:1.87	NC_021054.1	acg	3	12	21.6	1.94	1.87	12	12	0	1	1	0	
NC_021054.1|agc[271321-271333]|c:4|s:26|m:13|mm:0|i:0|ina:0|5e:1.44|3e:1.79	NC_021054.1	agc	3	4	0	1.44	1.79	4	4	0	1	1	0	

query_acc_ver: Ver resultado específico.

access_number: Identificador de acceso del query en la base de datos.

pattern: Motivo.

RUS: Tamaño de la unidad repetida en el query.

RN: Número de unidades repetidas en el query.

inaccuracy: % de inexactitud del repetido, medida de imperfección del mismo.

5' entropy: Entropía composicional del flanco 5´.

3' entropy: Entropía composicional del flanco 3´.

min_RN: **RN** mínimo en el conjunto de query y todos los subjects similares al mismo.

max_RN: **RN** máximo en el conjunto de query y todos los subjects similares al mismo.

range: **max_RN** - **min_RN**.

frecuency: Frecuencia alélica que presenta el SSR original(query) a partir del cual se hizo la búsqueda.

alleles: Número de alelos encontrados para un *locus* (SSRs con RN diferentes).

PIC: Contenido de Información Polimórfica ($1 - \sum_i p_i^2$). Este valor también se conoce en otros contextos como heterocigocidad promedio esperada o

diversidad genética de Nei, y da una medida de la probabilidad de que, para un *locus* único, un par de alelos escogidos al azar en la población sean diferentes.

exceptions: Muestra todas las etiquetas que corresponden a excepciones (las del resultado específico) en las validaciones del polimorfismo. Hay entradas en el reporte genérico donde pueden aparecer más de una de estas etiquetas pues las excepciones se pueden dar simultáneamente. Si todas las secuencias *subject* presentan excepciones, ya sea de unos o de otras, entonces se colocan las etiquetas de lo contrario la celda aparece en blanco puesto que hay subjects en el reporte específico sin excepciones.