

AminoFinder - Manual

Det första man behöver göra för att kunna använda programmet är att välja vilken excel-fil man vill använda. Filen måste vara av typen ".xlsx" och programmet förväntar sig att M+H är i kolumn A, Start i I, End i J, Domain i K, HPCL index i N och Sequence i O. Användaren väljer vilken Excel-fil den vill ha genom att klicka på import-knappen längst upp till vänster.

Efter att en fil har valt så tar programmet några sekunder att läsa in filen men efter detta så kan man börja filtrera. Filtreringen går till genom att man skriver "kommandon" i den avlånga rutan till höger om import-knappen. Dessa kommandon kommer att filtrera efter antalet aminosyror i sekvenserna och de har ett speciellt format enligt följande:

1. Kommandot börjar med att man skriver vilken aminosyra (representerad av en bokstav) som man vill filtrera efter. Exempelvis K, R eller L.
2. Efter bokstaven bestämmer man utifrån vilka villkor aminosyrorna kommer att filtreras. Detta görs först genom att man skriver ett av tecknen (=, >, <, =>, =<), som avgör om antalet aminosyror av typen man valde i (1.) ska vara lika med, större eller mindre än ett tal som bestäms i nästa del av kommandot (3.). I detta steg ser kommandot ut så här, K >, R = eller L =>.
3. I denna del av kommandot skriver man in det tal som antalet aminosyror i sekvensen kommer att jämföras med. I detta steg ser kommandot ut så här, K > 0, R = 1 eller L => 2.
4. Efter att man har gjort steg (1-3) så kan man välja att filtrera efter flera villkor genom att skriva "and" och sedan börja om vid steg 1. igen.

VIKTIGT! Alla delar av kommandot måste vara separerade av ett mellanslag, se exemplet nedan:

K > 0 and R = 1 and L => 2

Ovanstående exempel-kommando filtrerar alltså efter sekvenser med antal K större än 0, antal R lika med 1 och antal L större eller lika med 2.

Utöver att skriva in ett kommando så måste användaren också välja vilken längd av sekvenser den vill filtrera efter. Detta görs genom att man skriver in minimum längd i rutan "Min Length" och maximum längd i rutan "Max Length".

När användaren har gjort allt detta så kan den starta filtreringen genom att klicka på filter-knappen, då kommer alla de filtrerade sekvenserna att dyka upp i tabellen i nedre halvan av programmet.

Vid eventuella felinmatningar av kommandon eller längd så kommer felmeddelanden att dyka upp i textrutan som ligger precis ovanför tabellen.