1. Poner exactamente tos nombres con los que se descargan los archivos de HOMSTRAD.
2. TOLERANCE poner en todos los programas con minúscula.
3. Mirar si hay nombres de objetos no coincidentes entre distintos programas (ej: mut.inex e inex.mut) para emprolijar.
4. Sacar información de familias de proteínas que ya no uso (guardarlas en un backup).
5. Ver mejor forma de reorganizar input