「セレクトボックスでfastaファイルを見やすく表示させるなにか」の使い方

- 1. インターフェース
 - 入力エリア:

配列データをここにC&Pします

② 分割ボタン:

配列データを分割します

③ リセットボタン:

データをリセットしたいときに押します

④ ヘッダセレクトボックス:

入力エリアにペーストされた配列のヘッダを表示します

⑤ 配列ボックス:

②ヘッダセレクトボックスで選択した配列を表示します

- ⑥ 相補配列(5'→3')ボックス:
 ③配列ボックスの配列の相補さを表示します
 (入力された配列と逆平行方向)
- ⑦ 相補配列(3'→5')ボックス:

③配列ボックスの配列の相補さを表示します (入力された配列と同方向)

⑧ 戻るボタン:

もとのページに戻ります

ここに配列を入力(3'→5	')
	a
分割 2 記列名 (ヘッダ)	▲ ■2列
please click split button	5
	相補配列(5'->3)
	相補配列(3'->5')
	7
×	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
医3 8	

相補鎖の方向

入力した配列の方向	ATTTGATGC · · ·	•	·	• GTACC
その相補鎖の配列	TAAAGTACG · · ·	•	•	· CATGG

⑥に表示される配列:左から右の向きで出力されます(矢印と反対方向) ⑦に表示される配列:右から左の向きで出力されます(矢印と同じ方向)

- 2. 使い方
- 2-1. fastaファイルの読み込み

現時点(2015/08/19)ではコピー&ペーストでのみ配列を読み込むことが出来ます。一度テキストエディタ等でfastaファイル を開いていただき,配列をコピーして①入力エリアに貼り付けてください。

2-2. 相補鎖変換

配列を読み込んだ後、②分割ボタンを押すと配列が「>」で始まるヘッダ行を基準に分割されます。分割に成功すると、 ④ヘッダセレクトボックスにヘッダ名が表示されます。読み込んだデータがfasta形式でない場合、④には何も表示されませんが、 データは相補鎖に変換されます。したがって.seqファイルなどのデータも一応相補鎖変換することは可能です。

2-3. 配列の切り替え

④ヘッダセレクトボックスに表示されている配列名をクリックすると、 ⑤~⑦に対応した配列が表示されます.

2-4. データのリセット

③リセットボタンを押すと、読み込んだデータがリセットされます。①、④~⑦に表示されている配列は消去されます。

3. その他

・一度データを読み込んだ後、リセットせずに配列の後ろに新たに配列を貼り付けると、配列の追加を行うことが出来ます。 入力エリアはキーボードからの入力もできるので、手動でヘッダを記述すれば配列を追加することが出来ます。

・困ったらリセットボタンを押すか、再読み込みを行ってください.

・機能追加の要望はコメント欄にいただけると今後の活動に助かります.