

Protocollo

1. scaricate da <http://www.bio.unipd.it/~grapputo/LM/index.html> il file zip contenente tutte le sequenze di COI che avete fatto
2. prendete i due file (forward e reverse) corrispondenti al vostro campione
3. Aprite entrambi forward e reverse con CHROMAS
4. fate il reverse complement della sequenza reverse
5. Controllate le due sequenze per errori correggendo il filamento venuto meglio
6. Salvate il filamento (file) corretto
7. Esportate il filamento corretto in formato FASTA (rinominate il file da .fa a .fas)
8. Aprite il file in MEGA (Align --- Edit/build alignment)
9. Clicca su “retrive sequence from file”
10. Selezionate la sequenza cliccando 1 volta sul nome
11. Andate su web, quindi “do blast search”
12. Nella schermata di blastn vi apparirà la vostra sequenza
13. Scorrete la pagina verso il basso e in General parameters settate il Max target sequences a 1000
14. Cliccate su blast