

# DOTLET

**Andrés pinzón**  
**Centro de Bioinformática**  
**Instituto de Biotecnología**  
**Universidad Nacional de Colombia**

# http://bioinf.ibun.unal.edu.co/dotlet/

EMBnet Colombia

Inicio

Centro de Bioinformática del Instituto de Biotecnología

Mapa del Sitio

Inicio | **Quiénes somos** | Documentos | Cursos | Contacto |

27 de marzo de 2006



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

**Usuari@s de Mac:** Al parecer existe un problema en varias versiones del navegador Netscape, el cual hace que Dotlet falle con el error **SecurityViolation**. Existe tambien un error en Microsoft Internet Explorer el cual no permite las operaciones de cortar y pegar. Lo lamentamos, pero la soucion de estos problemas esta fuera de nuestro alcance.

## Herramientas

[EMBOSS](#) | [BLAST](#) | [BLEE](#) | [SMS SEWER](#) | [BACTNAME](#) | [SINCO](#) | [DOTLET](#)

Puede consultar nuestra página de ayuda para mayor [información](#) [acerca de estas herramientas](#).

## Curso Microarreglos

Del 28 de Noviembre al 2 de Diciembre de 2005 tendra lugar el curso Intrnacional: "**Introduccion al Analisis de Microarreglos**", organizado por el CBIB en colaboracion con varios grupos e institutos a nivel mundial. [Mayor informacion](#)

## Curso Bioinformatica

Curso: "**Bioinformatica: Introduccion al Analisis de secuencias**", organizado por el CBIB en colaboracion con el Laboratorio de Investigacion en Sistemas Inteligentes. [Mayor informacion](#)

[Acerca de dotlet](#) | [Ayuda](#) | [Aprende por medio de ejemplos](#)

The screenshot displays the Dotlet web application interface. At the top, there are input fields for sequence names (seq\_1) and a 'compute' button. Below this is a large window for sequence alignment, showing a dark matrix with a diagonal line. To the right of the matrix, there is a histogram showing a distribution of scores. The histogram has a blue area under a curve and a dashed pink line. Below the histogram, the sequence 'seq\_1' is shown with its corresponding alignment scores.

horizontal: seq\_1  
vertical: seq\_1  
matrix: Blosum62  
sliding window: 15  
zoom: 1:1  
score range: -60 to 165  
gray scale: 0% - 100%

seq\_1|8  
REPPLAVMKRGICLAALLCLFNILGAGHGENAEEIDIRNSEGKVNFFSLDSNLKKNKSKHNRVKRR  
REPPLAVMKRGICLAALLCLFNILGAGHGENAEEIDIRNSEGKVNFFSLDSNLKKNKSKHNRVKRR  
seq\_1|8

Entrada

Matriz

Zoom

input

seq\_1

seq\_1

Blosum62

15

1:1

compute

Tamaño de ventana

horizontal: seq\_1  
vertical: seq\_1  
matrix: Blosum62  
sliding window: 15  
zoom: 1:1  
score range: -60 to 165  
gray scale: 0% - 100%

Ventana de puntos

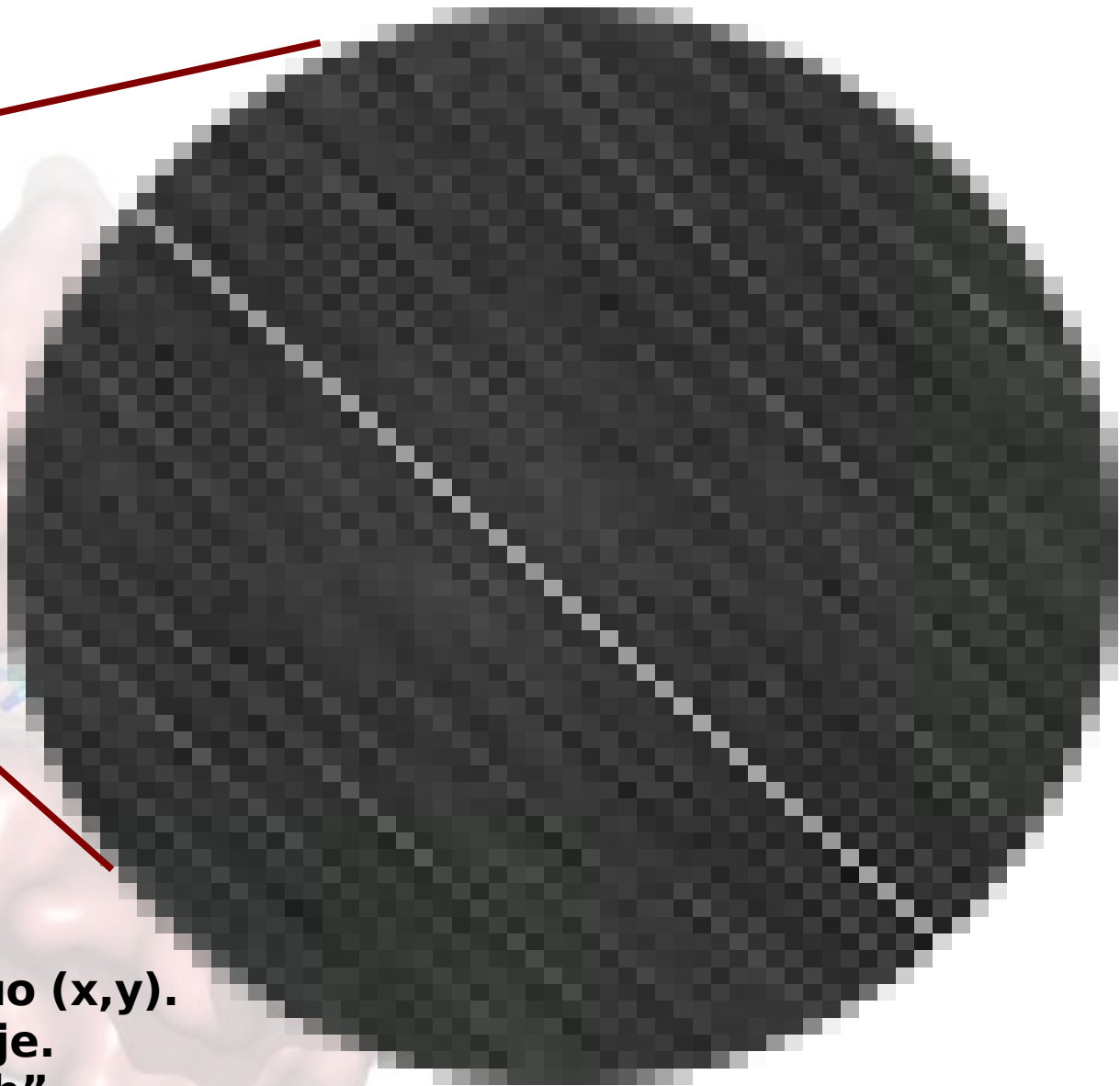
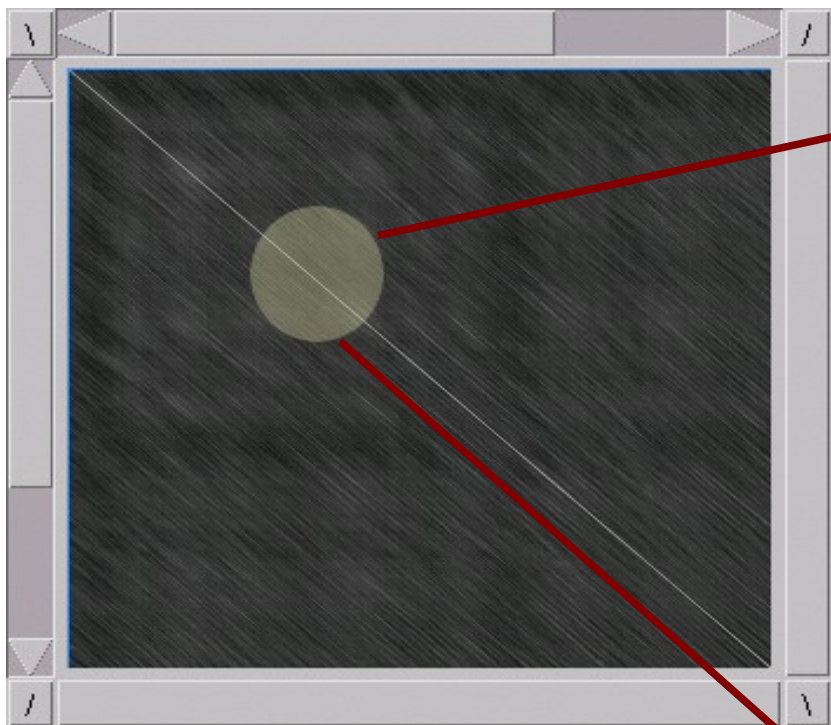
Histograma

seq\_1|8

RBPPPLAVBMKRGICLAALLCLFNLYLGAGHGENAEEIDIRNSEGGKVNFFSLDSNLKKNKKS KHNRVKRR  
RBPPPLAVBMKRGICLAALLCLFNLYLGAGHGENAEEIDIRNSEGGKVNFFSLDSNLKKNKKS KHNRVKRR

seq\_1|8

Ventana de alineamiento



**Cada pixel representa un residuo (x,y).  
Cada pixel representa un puntaje.  
Un alto puntaje == buen "match".**



**Bajo**

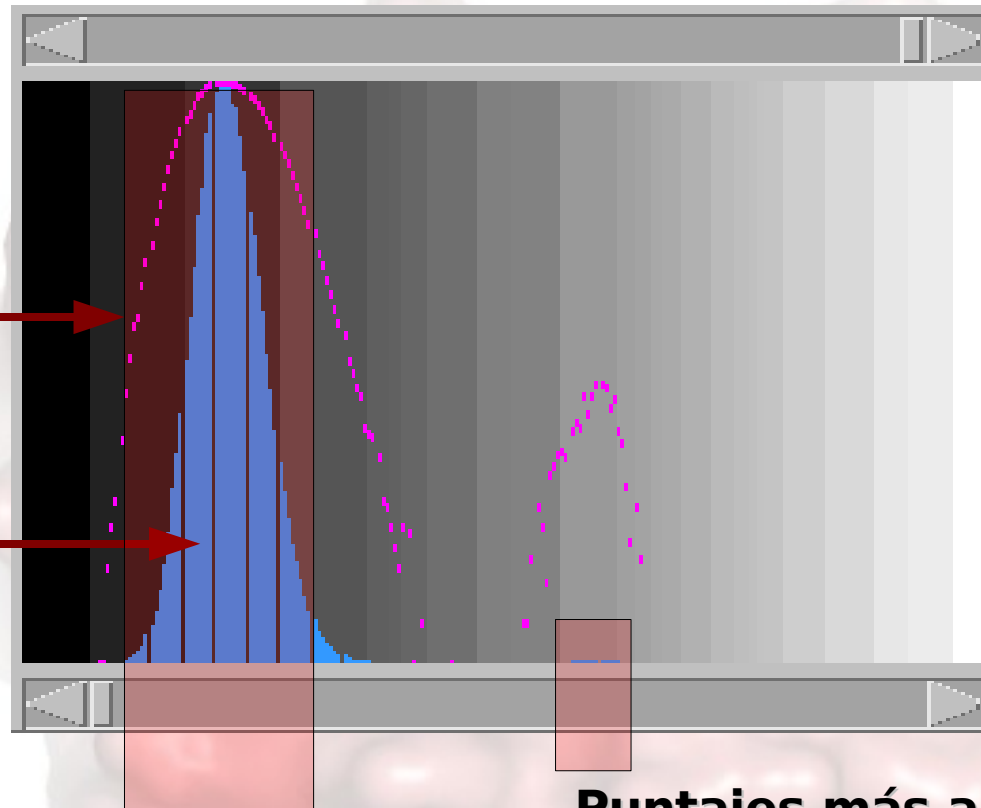
**Alto**

# Histograma

Representa la frecuencia de cada score

Escala  
logaritmica

Escala  
lineal



**Puntajes más bajos**  
(mayoría de pixeles)

**Puntajes más altos**  
(minoría de pixeles)