

Introducción a EMBOSS

A continuación encontrará un conjunto de secuencias efectoras de *Xanthomonas* sp. importante en el área de la fitopatología por el tipo y severidad de las enfermedades que causa.

NC_007508.1
AM039952
AY389509.1
AY756270

Dichas secuencias son reconocidas por estar directamente implicadas en los procesos de patogenicidad, su labor consiste en identificar si existe algún patrón en:

- La composición de aminoácidos de estas secuencias.
- El número de residuos.
- Su carga.

Que permitan caracterizar otras posibles proteínas efectoras basados en dichos resultados.

Para esto utilice, al menos, los programas **charge** y **pepstats** del paquete de análisis EMBOSS, disponible via web en:

<http://bioinf.ibun.unal.edu.co/eexplorer/>

Por otra parte, es también de interés conocer si existe algún tipo de **dominio funcional** en dichas secuencias, así como la obtención de una **secuencia consenso** de estas.

Utilice los programas **emma**, **cons** y sus conocimientos de prácticas anteriores para obtener dichos resultados.

Entregue su informe de manera ordenada y **sustentada**, basando sus análisis en los resultados obtenidos a partir de las herramientas utilizadas.