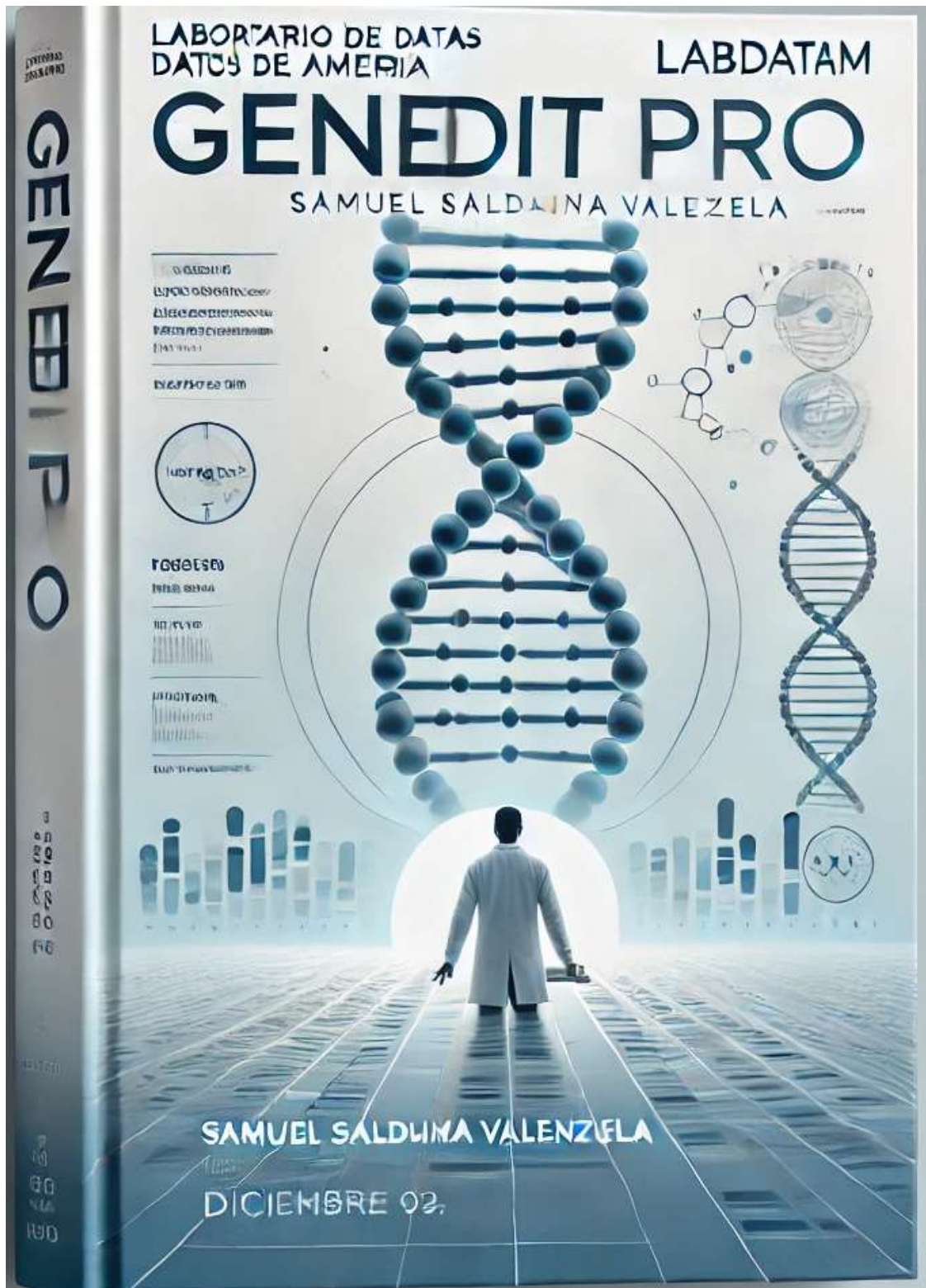


# GenEditPro User Manual v. 1.0

English version





# GenEditPro

---

**Publisher:** LabDATAM, America's Data Laboratory

**Editorial Address:** Panama

**City, Country:** Chiriquí, Panama

**Publication date:** December 09, 2024

## Authors

- Main Author: Samuel Saldaña Valenzuela

## Collaborators or Work Teams

- Editor: Maria Antonieta Villalobos Vindas
- Cover Design: Samuel Saldaña Valenzuela
- Development Team: Samuel Saldaña Valenzuela and Maria Antonieta Villalobos

## Publication Date

- December, 2024.

## Edition Number

- **Edition No.:** First edition.

**ISBN & ISSN:** • ISSN: 2710-7701

## Copyright

Copyright (2024): Samuel Saldaña Valenzuela. Lab Data Laboratory of America, LabDATAM. All rights reserved.

## Contact Information

- **Address of the Publisher or Institution:** Panama.
- **Website:** [www.labdatam.com](http://www.labdatam.com)
- **Email or contact phone number:** [director@labdatam.com](mailto:director@labdatam.com); [subdirector@labdatam.com](mailto:subdirector@labdatam.com)  
+507 66315973



## **User Manual: GenEditPro v. 1.0**

**Prepared by the American Data Laboratory, LabDATAM.com**

**December, 2024.**

**GenEditPro** is an advanced web-based tool for editing, analyzing and visualizing genomic data. This manual is designed to guide users of all levels in the efficient use of each section of the platform.

### **Introduction**

**GenEditPro** is an advanced genetic editing and analysis tool, designed to facilitate the efficient manipulation of genetic sequences, perform statistical and machine learning analysis on the data, and generate detailed reports for decision-making in research and scientific projects.

The application is structured into various thematic areas that cover essential functionalities for researchers and professionals in genetics, including:

1. **Edition Genetics**
2. **Data Analysis**
3. **Report Generation**

**GenEditPro** provides an intuitive and accessible user interface where users can upload genetic sequence files, perform various analysis tasks, and view interactive graphics to facilitate interpretation of results.

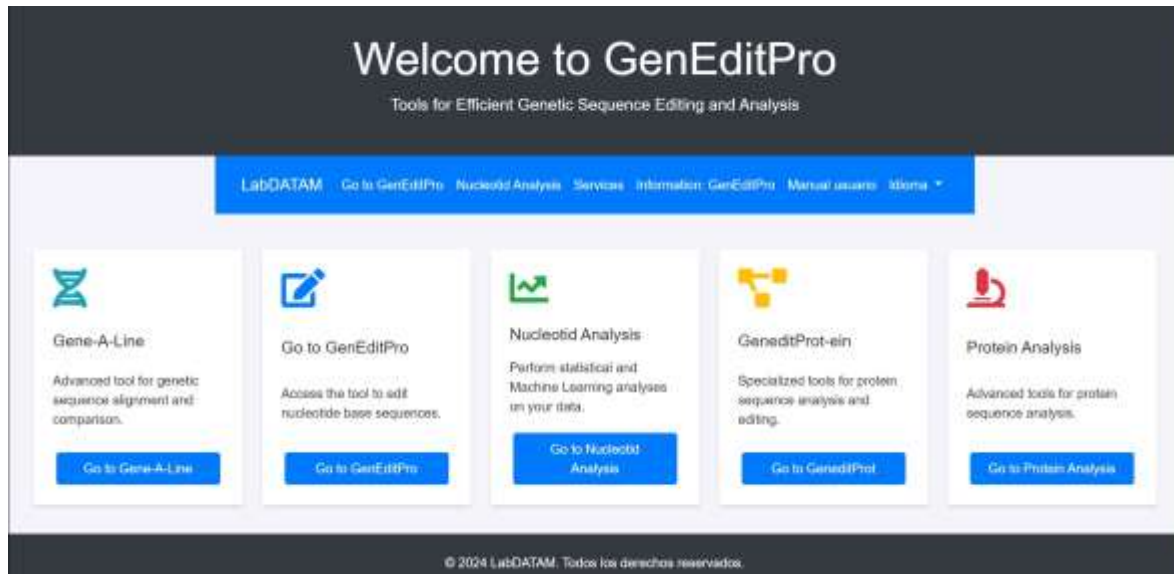
Throughout this manual, the functionalities and processes within each key section will be detailed, starting with initial setup, file uploads, and the analyses that can be performed. Additionally, the user will be guided on how to interpret results, generate reports, and export them in various formats.

### **Structure of the Manual:**

- **Index (Introduction and basic navigation)**
- **GenEditPro (Genetic Sequence Editing)**
- **Data Analysis (Statistics and Machine Learning)**
- **Reports (Generating and exporting reports)**

## 1. Introduction to the GenEditPro tool

**GenEditPro** is an advanced tool developed for editing and analyzing genetic sequences, allowing users to work with various file formats such as **BLAST**, **FASTA**, **JSON**, **CSV**, **TXT** and **GAL**, **is a GEP owner file**. Through this application, users can upload their files, perform statistical and machine learning analysis, and generate reports in PDF format efficiently.



### Application structure:

The app is organized into various thematic sections, including:

- **Loading files with sequences:** The user has a source of sequence data which, after loading into an editor, can be selected by using the mouse in both directions. Both from right to left and vice versa, in this same direction the user can use the function to deselect what is marked or highlighted.
- **Genetic sequence editing:** Allows you to edit the genetic sequences of uploaded files.
- **Data analysis:** Provides statistical and machine learning tools to interpret genetic data.
- **Report generation:** Allows you to create reports in PDF format based on the analyses performed.

**Workflow:**

1. **File Upload:** User can upload files in **BLAST, FASTA, JSON, CSV, TXT and GAL** formats. **GAL or Gene-A-Line** (Gene Alignment and Purified file is GenEditPro owner file).

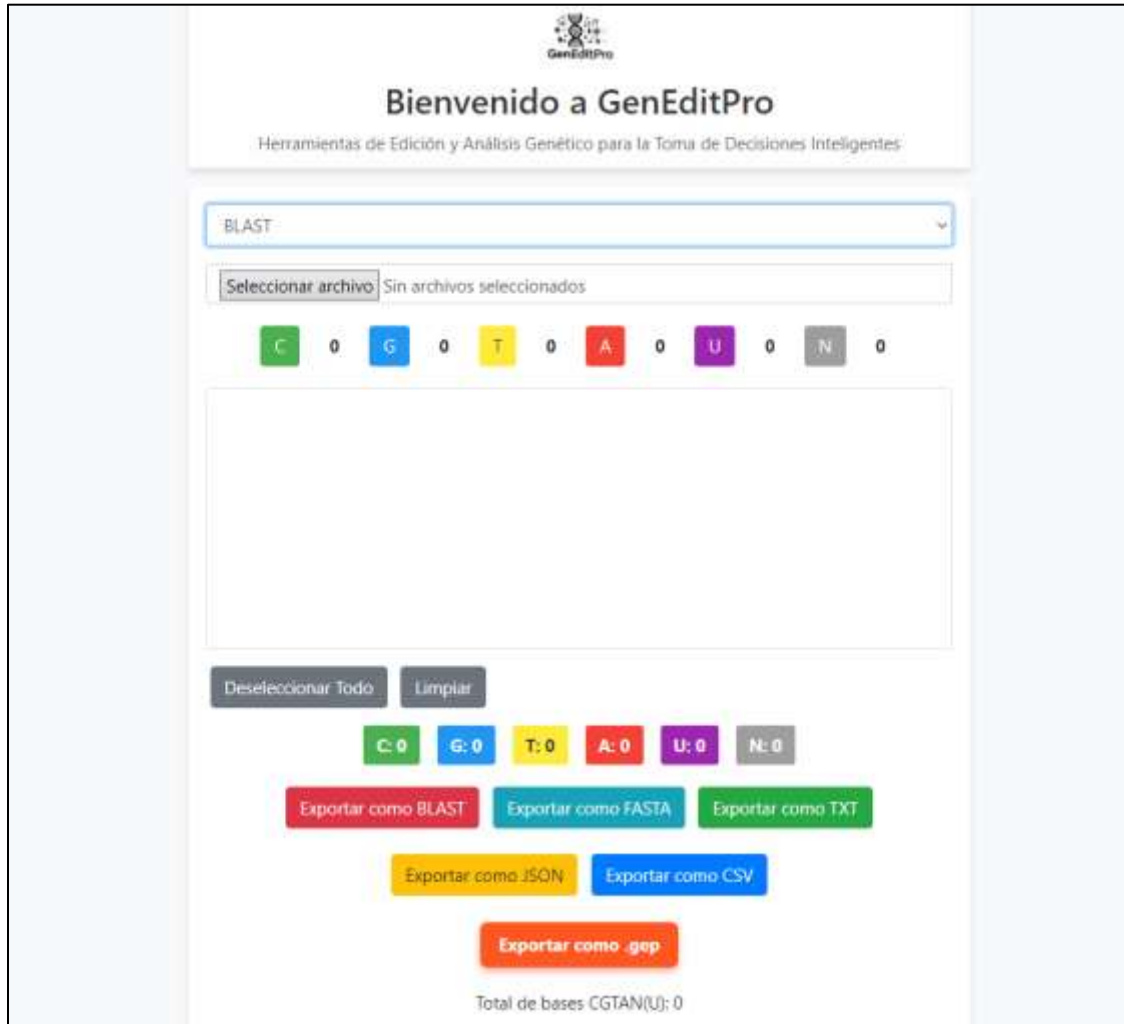
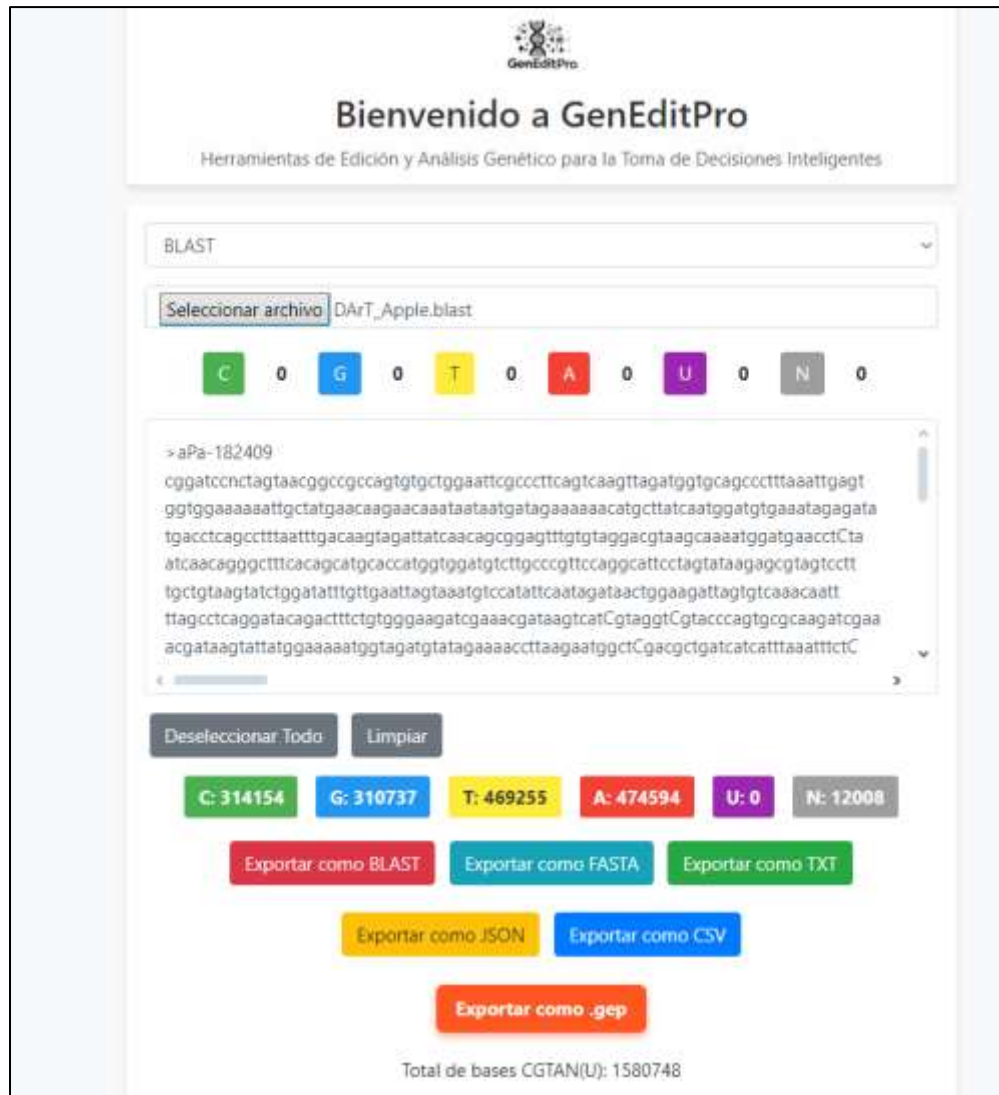


Figure 1. File upload according to sequence format.

2. **Sequence editing:** Once the file is uploaded, edits can be made to the genetic sequences contained in the file.



The screenshot displays the GenEditPro web interface. At the top, it says "Bienvenido a GenEditPro" and "Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes". Below this, there is a dropdown menu set to "BLAST" and a file selection field containing "DArT\_Apple.blast". A row of colored buttons represents nucleotide counts: C (0), G (0), T (0), A (0), U (0), and N (0). A text area shows a DNA sequence starting with "> aPa-182409" followed by several lines of nucleotide code. Below the text area are buttons for "Deseleccionar Todo" and "Limpiar". A summary row shows counts: C: 314154, G: 310737, T: 469255, A: 474594, U: 0, N: 12008. Below this are buttons for exporting the sequence: "Exportar como BLAST", "Exportar como FASTA", "Exportar como TXT", "Exportar como JSON", "Exportar como CSV", and "Exportar como .gcp". At the bottom, it states "Total de bases CGTAN(U): 1580748".

Figure 2. Sequence editing.



Vista de Cálculos

### Metadata del archivo

**Fecha de Creación del Informe:** 2024-12-09 18:32:51

**Nombre del archivo cargado:** exported\_selection.gep

**Datos de GEP:**

Fecha de Creación del Informe: 12/07/2024, 18:28:37

Nombre del archivo cargado: sample.fasta.txt

**Totales originales:**

Total bases CGTAUN: 620

Desglose:

C: 143   G: 141   T: 155   A: 163   U: 12   N: 6

**Bases seleccionadas:**

Total: 256

Desglose:

C: 55   G: 61   T: 59   A: 69   U: 12   N: 0

**Secuencias:**

secuencia1: C: 11 G: 19 T: 11 A: 15 U: 4 N: 0  
secuencia2: C: 14 G: 15 T: 21 A: 10 U: 0 N: 0  
secuencia3: C: 13 G: 15 T: 12 A: 20 U: 0 N: 0  
secuencia4: C: 17 G: 10 T: 11 A: 22 U: 0 N: 0  
secuencia5: C: 0 G: 2 T: 0 A: 2 U: 0 N: 0  
secuencia6: C: 0 G: 0 T: 4 A: 0 U: 0 N: 0  
secuencia7: C: 0 G: 0 T: 0 A: 0 U: 8 N: 0

Figure 4. Metadata and Statistical Calculations and Machine Learning





4. **Report Generation:** The user can export the analysis results to a PDF file.



Figure 5. Reports by bioinformatics techniques and tools.

#### Considerations:

- Registration is not required to use **GenEditPro** .
- The app version is free and can be used without any authentication.

#### Loading and Editing Files in GenEditPro

##### Description

**GenEditPro** is a specialized tool for **editing genetic sequences and managing GEP (GenEditPro) files** for quantitative analysis of genetic sequences. This functionality allows users to modify sequence data sources and generate GEP files, adjusting the system inputs to specific processing needs for mathematical processing and analysis.

**GenEditPro** is a tool designed to work with files containing nucleotide base sequences, such as **Fasta, Blast, JSON, CSV, TXT** and **GAL** or **Gene-A-Line** (GenEditPro Alignment+Purified is a GEP owner file). The application allows these files to be loaded, sequence fragments to be selected and deselected , and quantitative reports to be generated on the nucleotide bases. In addition, modified data can be exported to various file formats, including **GEP** for further analysis.

##### Main Functionality

- **Stream File Editing:** Users can load and modify data source from BLAST, FASTA, JSON, CSV, TXT and **GAL** files making it easy to view and modify the data contained within them.

From the editor you can use the mouse (right-left and vice versa) to select/deselect sequence fragments that will be highlighted or re-marked to be saved in files with



**GEP** type or extension (GenEditPro: \*. gep), in order to prepare data for further processing or analysis. The system provides an intuitive interface to edit entries with the mouse, without the need to directly manipulate the loaded source files.

- **Export GEP Files:** The tool allows you to export **GEP** files using the buttons below, the **GEP** type that you own is displayed isolated. This file can be uploaded in the Analysis section of the platform to perform calculations and generate graphs in Descriptive, Inferential Statistics and Machine Learning.
- **GEP Parameters:** Within **GEP** files, users will be able to view metadata such as dates, numerical values such as total counts for the file, totals per nucleotide base, total number of selected nucleotides, and the total sum of these. The user will be able to use this data with a single click on calculation and graph buttons in statistics and Machine Learning.



## Section 1: File Upload

### 1. Access GenEditPro:

- Launch the app and enter the main interface.

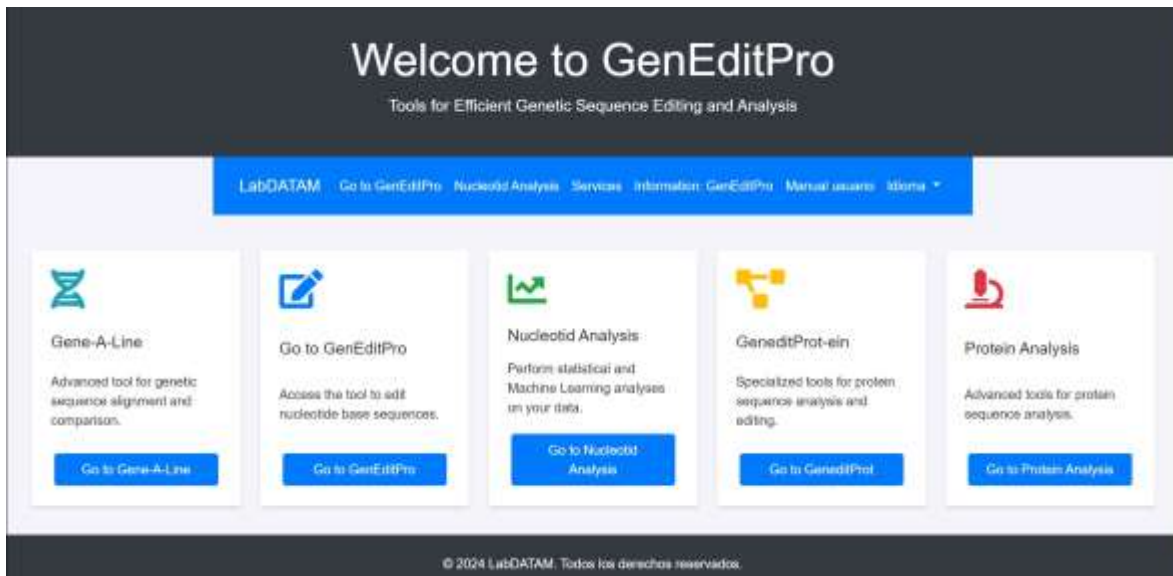


Figure 6. Main cover ( index )

### 2. Select file to upload:

- From the main menu, click the **Select File button**.



Figure 7. Selecting data stream source file.

- A dialog box will appear where you can select the file to upload. Supported formats are:

[www.geneditpro.com](http://www.geneditpro.com) + [www.labdatam.com](http://www.labdatam.com)

- **Fasta** ( . fasta )
  - **Blast** ( .blast )
  - **JSON** ( . json )
  - **CSV** ( .csv )
  - **TXT** ( . txt )
  - **GAL** ( .gal )
- Click **Open** to upload the selected file.

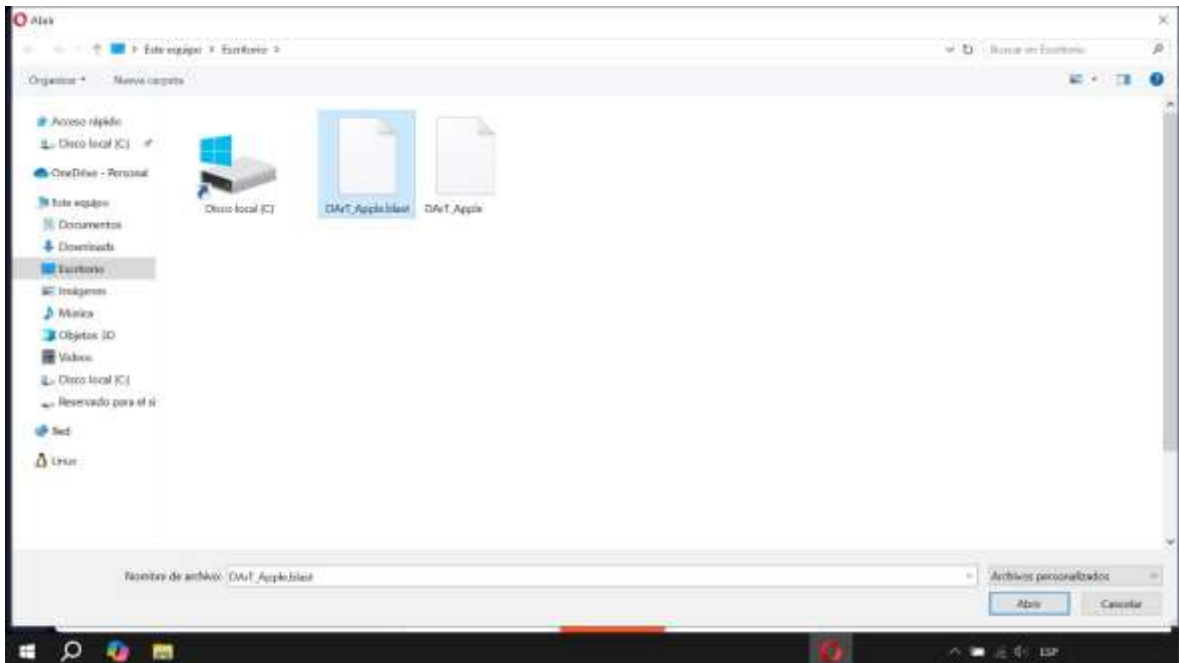


Figure 8. Open Windows dialog box and select sequence file.

### 3. Uploaded file verification:

- After uploading the file, the interface will display the file content in a display area. Please ensure that the nucleotide sequences are correct before proceeding with editing.



## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo DArT\_Apple.blast

C 0 G 0 T 0 A 0 U 0 N 0

>aPa-182409

```
cggatccnctagtaacggccgagtgctgctggaattcgcccttcagtcgaagtaggtagcagcccttaaattgagt
ggtggaaaaaattgctatgaacaagaacaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatggaatagagata
tgacctcagccttaattgacaagtagattatcaacagcggagtttgtaggacgtaagcaaatggatgaacctCta
atcaacagggtttcacagcatgcaccatggtggatgcttgcccgtccaggcattcctagtataagagcgtagctctt
tgctgtaagtatctggatattgtgaattagtaaatgtccatattcaatagataactggaagattagtcaacaatt
ttagcctcaggatacagactttctgtggaagatcgaaacgataagtcatCgtaggCgtaccagtgcgcaagatcgaa
acgataagtattatggaaaaatggtagatgtatagaaaacctaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC
```

Deseleccionar Todo

Limpiar

C: 314154

G: 310737

T: 469255

A: 474594

U: 0

N: 12008

Exportar como BLAST

Exportar como FASTA

Exportar como TXT

Exportar como JSON

Exportar como CSV

Exportar como .gep

GenEditPro editor .

## Section 2: Editing Sequences

### 1. Selection of fragments:

- To **select** fragments of the sequence, click and drag with the **mouse** from **right to left** (or vice versa).
- While holding the click, you can select the nucleotide base fragments you want.



Figure 10. Selecting sequence fragments in the editor. Selection direction with the mouse from right to left or vice versa.

GenEditPro [Ir al Inicio](#) [GenEditPro](#) [Análisis de Datos](#) [Reportes](#) Español ▾

## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST ▾

Seleccionar archivo

C 15
 G 10
 T 12
 A 24
 U 0
 N 1

```

> aPa-182409
cggatccnctagtaacggccgcagtgctggaattcgccctcagtcaagttagatggtgcagcccttaattgagt
ggtgaaaaaattgctatgaacaaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttcaatggatgtaaatagagata
tgacctcagccttaattgacaagtagattatcaacagcggagtttgtaggacgtaagcaaatggatgaacctCta
atcaacagggtttcacagcctgcacatggtggatgtcttgccgttccaggcattcctagataagagcgtagtcctt
tgctgtaagtatcggatattgtgaattagtaaatgtccatattcaatagataactggaagattagtgcaacaatt
ttagcctcaggatacagacttctgtggaagatcgaacgataagtcacgtaggtCgtaccagtgcgcaagatcgaa
acgataagtattatggaaaaatgtagatgatagaaaacctaaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC
                    
```

Deseleccionar Todo
Limpiar

C: 314154
G: 310737
T: 469255
A: 474594
U: 0
N: 12008

Exportar como BLAST
Exportar como FASTA
Exportar como TXT

Exportar como JSON
Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Figure 11. Selected fragment. The numbers are accumulated, all selection counters are updated.

## 2. Deselecting Fragments:

- To **deselect** a previously selected portion of the sequence, click and drag with the **mouse** from **left to right**.



Figure 12. Marking for deselecting sequence fragments in the editor. Selection direction with the mouse from right to left or vice versa.



GenEditPro | Ir al Inicio | GenEditPro | Análisis de Datos | Reportes | Español

## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo: DAiT\_Apple.blast

C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1

```

Pa-182409
ggatcncctagtaacggccagtgctggaattcgccctcagtcaggttagatgggtgcagcccttaasattgagt
gggggaaaaaattgctatgaecaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgaaatagagata
fgacctcagccttaattfgacaagtagattatcaacagcggagtttgttaggaagcaaaatggatgaacctCta
atcaacagggctttcacagcatgcacatggatgcttgcctccgctccaggcattcctagtataagagcgtagtcctt
fgctgtaagtaactggatattggtgaattagtaaatgccaatccaatagataactggaagattagtgcaacaatt
ttagcctcaggatacagactttctgtgggaagatgaaacgataagtcacgtaggtCgtaccagtgccgaagatcgaa
acgataagattatgaaaaatggtagatgtatagaaaaccttaagaatgctCgacgctgatcatcattaaattctC
    
```

Deseleccionar Todo | Limpiar

C: 314154 | G: 310737 | T: 469255 | A: 474594 | U: 0 | N: 12008

Exportar como BLAST | Exportar como FASTA | Exportar como TXT

Exportar como JSON | Exportar como CSV

Exportar como .gcp


Figure 13. Deselected fragment and figures discounted from the bases by selection.



### 3. Quantitative Calculation:

- **GenEditPro** will display in real time the **total number of nucleotide bases**:
  - **Total Upload**: Total number of nucleotide bases in the uploaded file.
  - **Total by nucleotide base**: Breakdown by base type (C, G, T, A, U, N=Neutral).
  - **Total by selected nucleotide bases**: Quantitative breakdown of the nucleotide bases in the selected fragments.

These calculations will be performed automatically as the user selects and deselects sequences.

  
**Bienvenido a GenEditPro**  
Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo DARt\_Apple.blast

**C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1**

```
aPa-182409
cggatccnctagtaacggccgccagtggtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagcccttaaatgagt
gggggaaaaaattgctatgaacaagaacaaataaatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgtaaataagata
tgacctcagccttaattgacaagtagattcaacacgaggtttgttaggacgtaagcaaaatggatgaacctCta
atcaacagggtttcacagcatgcacctgggtgcttgcgggtccaggcattcctagtataagagcgtagtcctt
tgcgtaagatctggatattgtgaattagtaaatgccaatattcaatagataactggaagattagtcaaaacaatt
ttagcctcaggatacagactttctgtgggaagatcgaaacgataagtcagtaggtCgtaccagtgcgcaagatcgaa
acgataagtattatggaaaaatggtagatgatagaaaacctaaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC
```

Deseleccionar Todo    Limpiar

**C: 314154    G: 310737    T: 469255    A: 474594    U: 0    N: 12008**

Exportar como BLAST    Exportar como FASTA    Exportar como TXT

Exportar como JSON    Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Total de bases CGTAN(U): 1580748

Figure 14. Total sequence counts after file upload, sequence totals per nucleotide base. And, totals per selected nucleotide bases.

### Section 3: Exporting Files

Once you have edited and selected the desired sequences, you can proceed to export the modified data to the following formats:

#### 1. Export to formats several:

- From the export menu, click **Export**.
- You will be asked to choose the format you want to export to:
  - **BLAST** ( .blast )
  - **FASTA** ( .fasta )
  - **JSON** ( .json )
  - **CSV** ( .csv )
  - **TXT** ( .txt )
  - **GEP** ( .gep ), for later use in the analysis phase.

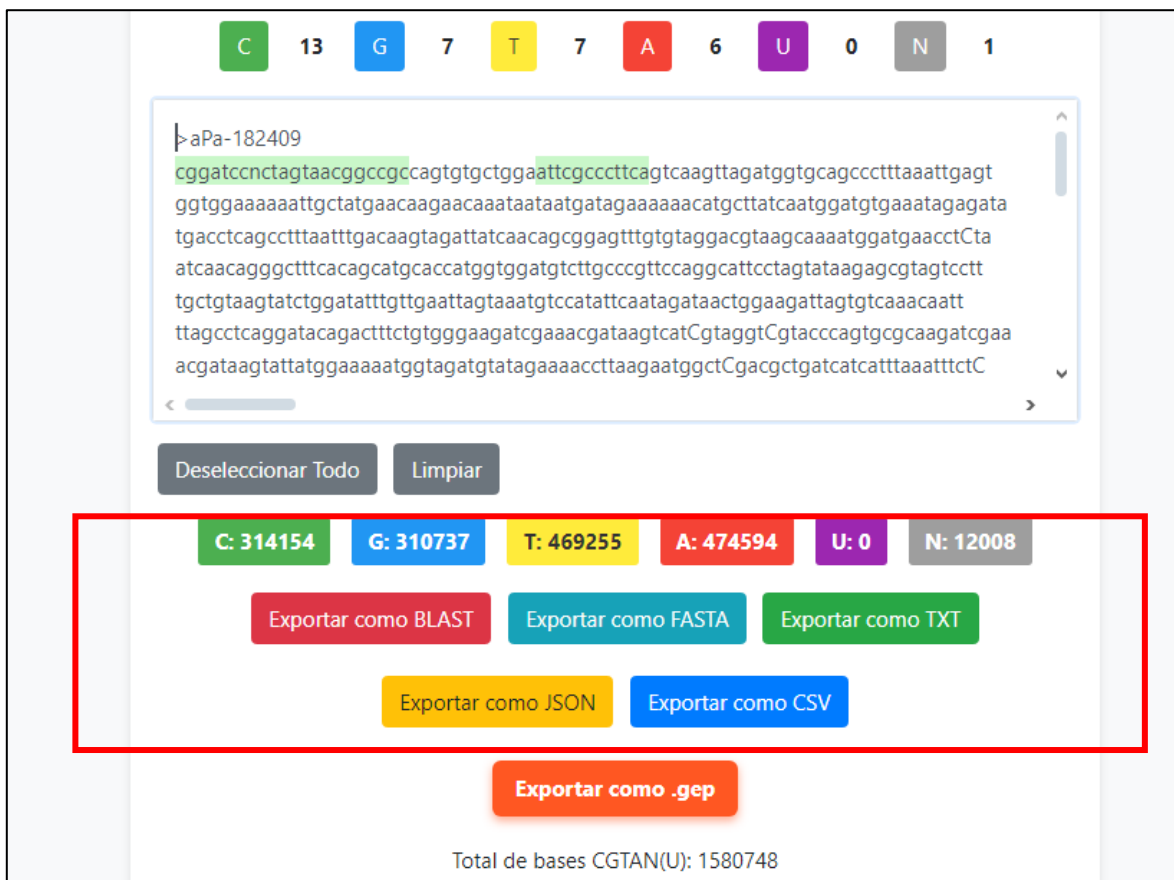


Figure 15. Data export buttons in formats: BLAST, FASTA, TXT, JSON and CSV. In addition, JSON, CSV and **GEP** files contain the selected sequences and figures.

## 2. File Generation:

- After selecting the format, GenEditPro will generate the corresponding file and offer the option to **save** the file to your device.

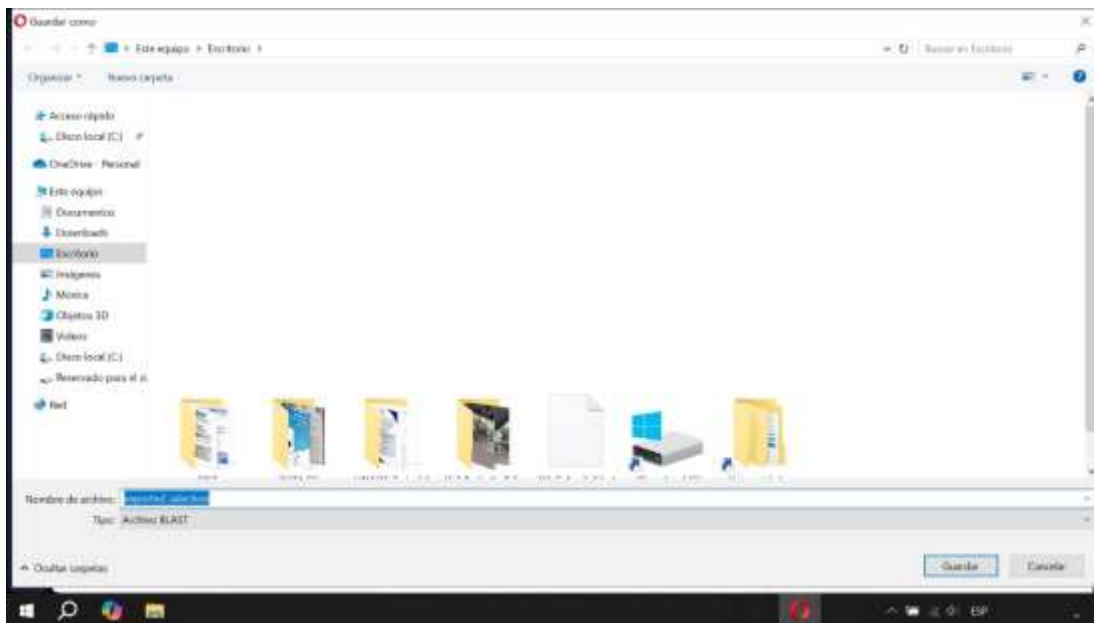


Figure 16. File to export in BLAST format.



Figure 17. Content of selected sequences. Remember that only JSON, CSV and **GEP** store figures, but the latter contains metadata.

[www.geneditpro.com](http://www.geneditpro.com) + [www.labdatam.com](http://www.labdatam.com)

```
exported_seleccion: Bloc de notas
Archivo Edición Formato Ver Ayuda
Descripción,C,G,T,A,U,N
"Total en Original",314154,310737,469255,474594,0,12008
"Total Seleccionado",13,7,7,6,0,1
"Secuencia Seleccionada",,,,,,"cggatcncntagtaacggccgc
attgcgccttca"
```

Figure 18. CSV content, contains numbers just like JSON.

```
exported_seleccion.gap: Bloc de notas
Archivo Edición Formato Ver Ayuda
# Metadata:
Fecha: 2024-12-09 14:12:16
Nombre del archivo original: D&T_Apple.blast
Total de bases CGTAM en original: 1580748
C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 N: 12008 U: 0
Total de bases seleccionadas: 34
C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 N: 1 U: 0

# Secuencias:
>secuencia1
C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0
cggatcncntagtaacggccgc
>secuencia2
C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 N: 0 U: 0
attgcgccttca
```

Figure 19. GEP content, contains figures and metadata.



### 3. Verification and Confirmation:

- Check the exported file to ensure that the data has been exported correctly in the chosen format.

### Important Considerations

- **File Format:** Make sure the file you are uploading is one of the supported formats (FASTA, BLAST, JSON, CSV, TXT). If the file is not in the correct format, **GenEditPro** will notify you of an error.
- **File Backup:** It is recommended to backup files before making major changes to avoid data loss.
- **Selection Accuracy:** When selecting sequence fragments, make sure you are correctly marking regions of interest to obtain accurate calculations.
- **Security :** If your files contain sensitive information or important data, be sure to take appropriate security measures to protect the files and the information contained in them.

---

### Common Problems

1. **Error Loading File:** If GenEditPro is unable to load the file, make sure the file is in the proper format and is not corrupted.
2. **Selecting Quantitative Calculations:** Master the subject matter of the desired calculations to add value to your report, verify that the sequence selections are accurate and that the uploaded file contains the expected data.



## 2. GEP File Analysis

### General Description

**GEP (Gene Edit Pro)** file is generated after editing the nucleotide sequences using **GenEditPro**. This **Analysis phase** aims to process the **GEP** file to obtain relevant insights about the sequences and perform more complex quantitative analysis.

### Procedure for manipulating a GEP file

#### 1. Access to the Selection Module:

- Enter the **GEP File Editing module** from the GenditPro main menu.

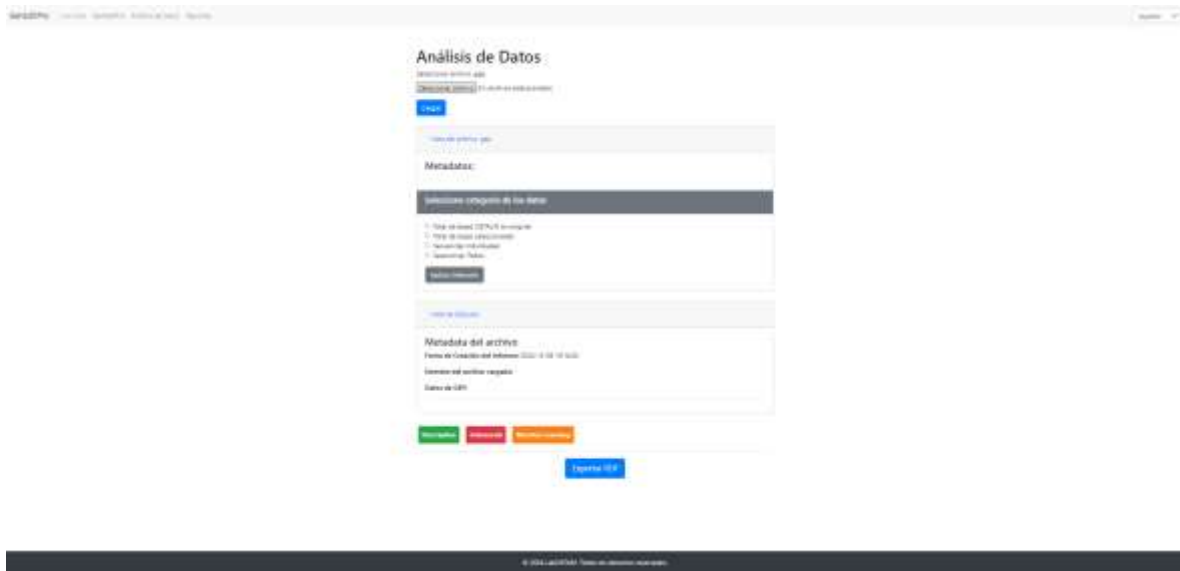


Figure 20. Analysis module or section.



## 2. GEP File Upload:

- Click the **Upload button** and select the GEP file from your device.
- The system will display the content of the GEP file in the metadata interface.

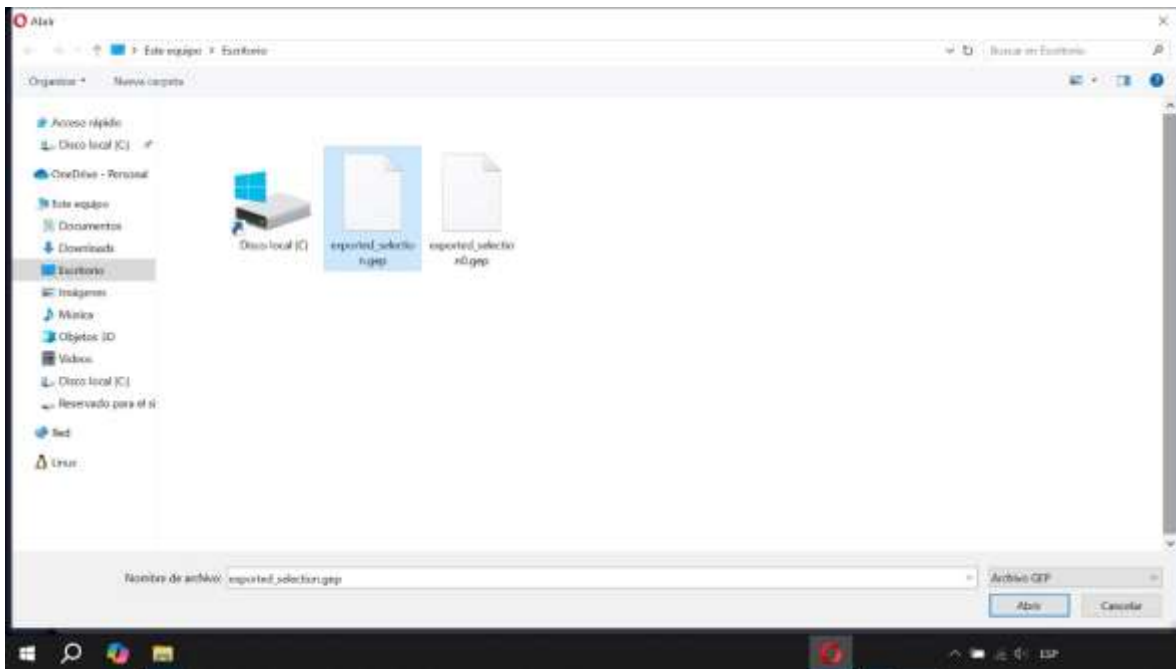


Figure 21. Opening or loading the GEP file.



Figure 22. Press the blue Load button, the GEP data will be displayed in the metadata panel.



The screenshot shows the 'Análisis de Datos' (Data Analysis) section of the GenEditPro interface. A red bracket highlights the 'Metadatos:' section, which contains the following information:

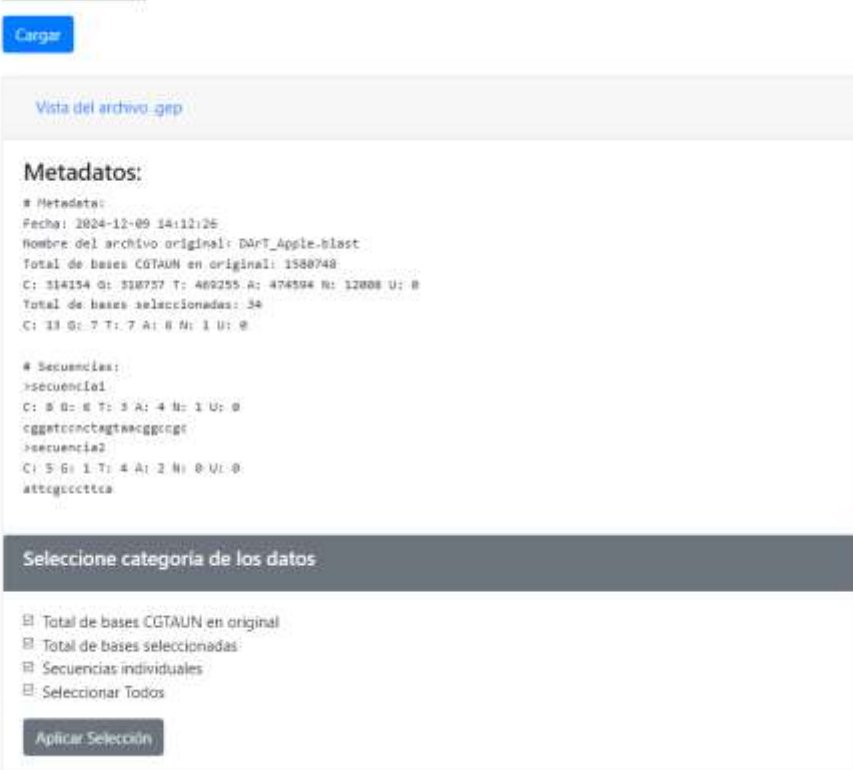
```
Metadatos:  
# Metadatos:  
Fecha: 2020-10-06 10:10:42  
Nombre del archivo original: Met_datos_base  
Título de base de datos original: 3388718  
C: Mapa de datos de apoyo al sistema de salud en el  
País de origen seleccionado: M  
C: ATCC T-15 T-A1-8-N-3-81-8  
  
# Información:  
Resolución:  
C: 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0  
@@@MCHCT@M@@@  
resolución:  
C: 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0  
Atributos:
```

Below the metadata, there is a section for 'Selección categoría de los datos' with a radio button for 'Total de bases de datos en original'.

Figure 23. GEP metadata loaded to the dashboard.

### 3. Data Selection:

- Once the file is loaded, the values can be seen, now the desired parameters must be selected.
- You can select data by categories after selecting with “check”, Checklist, matching or list hooks.
- Press the Apply Selection button, the data from GEP will be loaded.



Cargar

Vista del archivo .gcp

**Metadatos:**

# Metadatos:  
Fecha: 2024-12-09 14:12:26  
Nombre del archivo original: DArT\_Apple-blast  
Total de bases CGTAUN en original: 1580748  
C: 314154 G: 318757 T: 489255 A: 474594 N: 12008 U: 0  
Total de bases seleccionadas: 34  
C: 13 G: 7 T: 7 A: 0 N: 1 U: 0

# Secuencias:  
>secuencia1  
C: 0 G: 0 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0  
cggtccnctagttaacggcgr  
>secuencia2  
C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 N: 0 U: 0  
attcgccctca

**Selección categoría de los datos**

Total de bases CGTAUN en original  
 Total de bases seleccionadas  
 Secuencias individuales  
 Seleccionar Todos

Aplicar Selección

Figure 24. Selecting the data category using check, Checklist, matching or hooks.

#### 4. Apply Selection:

- After making changes, click **Save** to update the GEP file.
- The modified file will be saved to its original location or a new location, depending on your selection.



Aplicar Selección

Vista de Cálculos

#### Metadata del archivo

**Fecha de Creación del Informe:** 2024-12-09 19:22:17

**Nombre del archivo cargado:** exported\_selection.gep

#### Datos de GEP:

Fecha de Creación del Informe: 12/09/2024, 14:12:26

Nombre del archivo cargado: DArT\_Apple.blast

#### Totales originales:

Total bases CGTAUN: 1580748

Desglose:

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

#### Bases seleccionadas:

Total: 34

Desglose:

C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1

#### Secuencias:

secuencia1: C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1

secuencia2: C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0

Figure 25. Press Apply Selection button to load the selected metadata.



### Additional Features

- **Preview:** GenditPro allows you to see a preview in the calculations panel before generating the report, ensuring that the selected parameters are correct.
- **Data Validation:** The system validates the entries in the GEP file to avoid data errors. If any inconsistencies are detected, the system will alert the user.

## Summary

### Section 1: GEP File Upload

1. **Access the Analysis Section:**
  - In the main menu, click on the **Analysis option**.
2. **Select the GEP File:**
  - You will be prompted to select the previously generated **GEP file**.
  - From the selection dialog, locate and select the GEP file on your device and click **Open**.
3. **File Verification:**
  - After uploading the file, the application will display the information contained in the GEP. Make sure that the data is correct and that there are no errors in the upload.

### Section 2: Processing of GEP File Data

1. **Data Visualization:**
  - Once the GEP file is uploaded, the sequence data will be organized for analysis.
  - The system will display the **nucleotide bases**, their **frequency**, and the **sequences selected** during the previous phase.

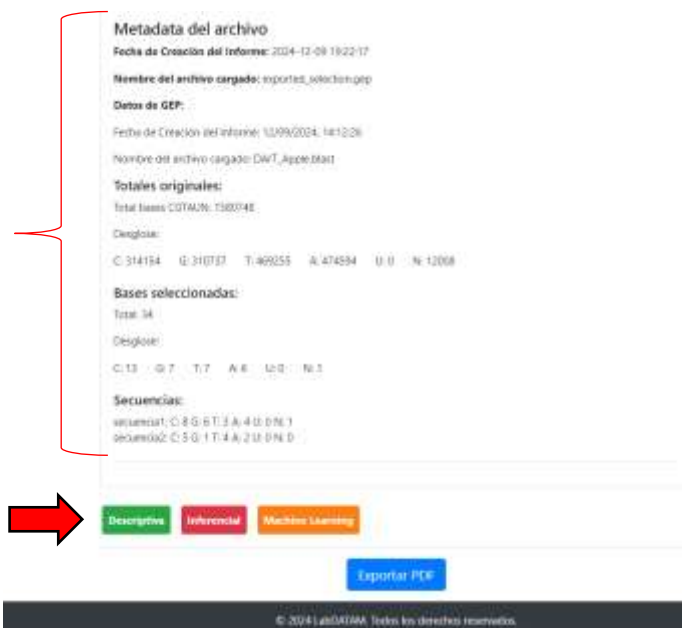


Figure 26. Metadata in the calculations panel, the Descriptive, Inferential and Machine Learning statistics buttons are available to apply the calculations.

## 2. Quantitative Calculations:

- The data processed from the GEP will allow for more complex quantitative analyses, such as:
  - **Nucleotide base distribution:** Shows the amount of C, G, T, A, U, N in the sequences.
  - **Selected Sequences Frequency:** How many times a specific sequence or pattern appears in the file.
  - **Selected fragment analysis:** Quantification of the selected fragments in comparison to the total file.



Fecha de Creación del Informe: 12/09/2024, 14:12:26

Nombre del archivo cargado: DArT\_Apple.blast

**Totales originales:**  
Total bases CGTAUN: 1580748

Desglose:  
C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

**Bases seleccionadas:**  
Total: 34

Desglose:  
C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1

**Secuencias:**  
secuencia1: C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1  
secuencia2: C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0

Descriptiva Inferencial Machine Learning

Media Moda Mediana Min Max Quantile 25 Quantile 50 Quantile 75

Generar Gráfico

Figure 27. Selection of statistics (descriptive).



Figure 28. Application of the Statistical Mean to data categories: total sequence data, total sequence per nucleotide base. Total selected nucleotide bases, grand total selected bases.



### ESTADÍSTICA DESCRIPTIVA

#### Totales

<b>Media</b>	<b>Moda</b>					<b>Mediana</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>
263458.00	0, 12008, 310737, 314154, 469255, 474594					312445.50	0.00	474594.00
<b>Quantile 25</b>	<b>Quantile 50</b>	<b>Quantile 75</b>						
12008.00	314154.00	469255.00						

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	314154.00	314154	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00
G	310737.00	310737	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00
T	469255.00	469255	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00
A	474594.00	474594	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	12008.00	12008	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00

#### Seleccionados

<b>Media</b>	<b>Moda</b>	<b>Mediana</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>Quantile 25</b>	<b>Quantile 50</b>	<b>Quantile 75</b>
5.67	7	6.50	0.00	13.00	1.00	7.00	7.00

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	13.00	13	13.00	13.00	13.00	13.00	13.00	13.00
G	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00
T	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00
A	6.00	6	6.00	6.00	6.00	6.00	6.00	6.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	1.00	1	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00

#### Secuencias

<b>Media</b>	<b>Moda</b>	<b>Mediana</b>	<b>Min</b>	<b>Max</b>	<b>Quantile 25</b>	<b>Quantile 50</b>	<b>Quantile 75</b>
2.83	0	2.50	0.00	8.00	1.00	3.00	5.00

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	6.50	5, 8	6.50	5.00	8.00	5.00	8.00	8.00
G	3.50	1, 6	3.50	1.00	6.00	1.00	6.00	6.00
T	3.50	3, 4	3.50	3.00	4.00	3.00	4.00	4.00
A	3.00	2, 4	3.00	2.00	4.00	2.00	4.00	4.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00	1.00	1.00

Descriptiva
Inferencial
Machine Learning

Media
Moda
Mediana
Min
Max
Quantile 25
Quantile 50
Quantile 75

Generar Gráfico

Exportar PDF

© 2024 LabDATAM. Todos los derechos reservados.

Figure 29. Application of (descriptive) statistics to data categories: total sequence data, total sequence per nucleotide base. Total selected nucleotide bases, grand total selected bases.

### 3. Graphics Generation:

- The results of the analysis can be represented graphically. For example:
  - **Bar graphs:** To show the distribution of nucleotides in the file.
  - **Line graphs:** To illustrate the frequency of occurrence of specific sequences.



Figure 30. Generate graphs: Bars, Lines, Pie, Scatter and Select all options.



Figure 31. Selecting Bar and Pie charts.

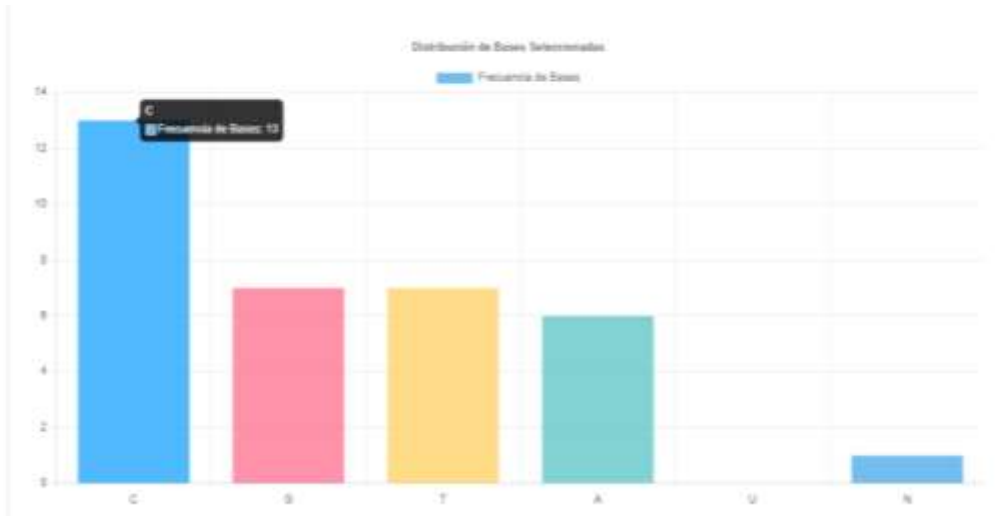


Figure 32. Sample bar chart (static or dynamic).

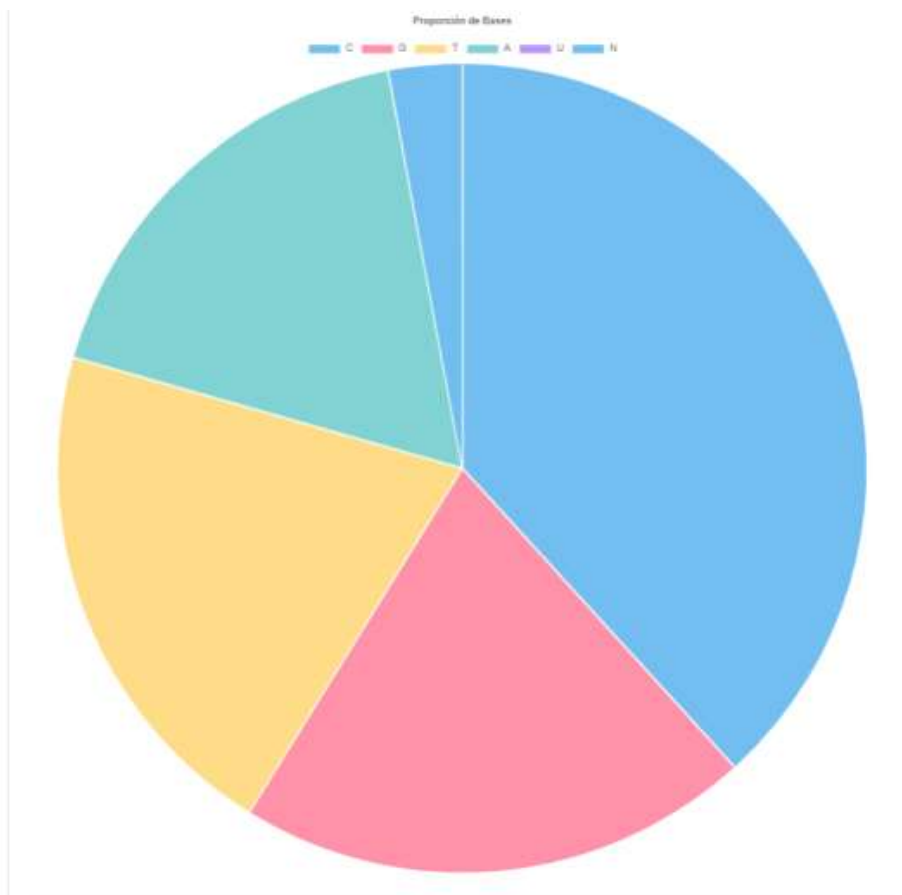


Figure 33. Sample pie chart.

#### 4. Comparative Analysis:

- **GenEditPro** will also allow a comparative analysis between different fragments or sequences of the **GEP file**, providing statistics such as mean, mode, median, min, max, Q25, Q50, Q75, complemented by the aforementioned graphs.

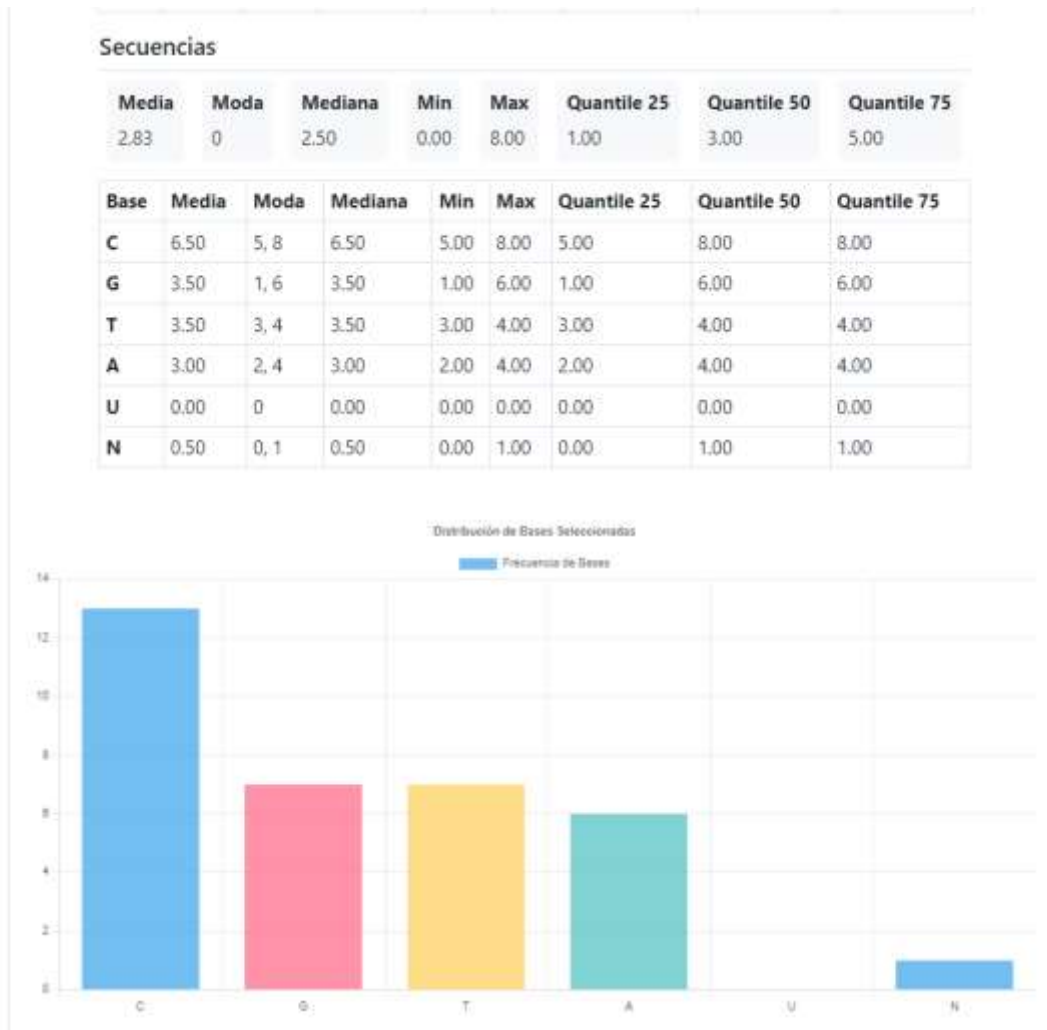


Figure 34. Graphs and comparative tables.

### Section 3: Exporting Results

#### 1. Report Generation:

- After performing the analysis, the results can be exported in different formats.
- From the **Export Results option** , press the only existing PDF button:
  - **PDF**: Generates a report with graphics and analysis in printable format.

#### 2. Export Results:

- After a dialog box opens, you will be asked to choose a location to save the exported file. Choose the desired location and click **Save**.

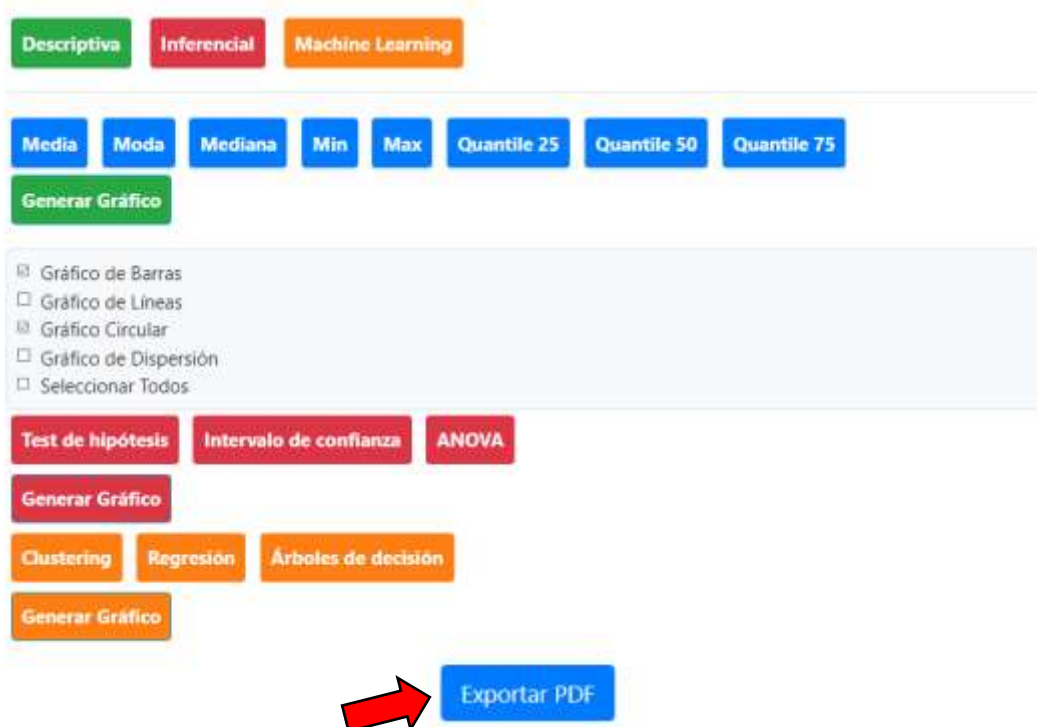


Figure 35. Blue button to export calculations and graphs to a PDF file.



## Section 4: Data Visualization

### 1. Data Display Interface:

- In the Analysis section, after loading the GEP file, you will be able to view in a panel the metadata, the fragments selected by bases, global totals, etc.
- In the calculations panel you will be able to see the results of choosing the different types of calculations, whether descriptive, inferential or Machine Learning, to evaluate them with your objectives.

### 2. Analysis of Mutations or Variants:

- From a quantitative and qualitative approach, you can check if the file contains mutations or variants in the sequences, GenEditPro will offer tools to identify these differences, calculate their frequencies, validate behaviors between each nucleotide or protein base.

## Important Considerations

- **GEP File Format:** Make sure the **GEP** file is in the correct format before uploading it to the system, as improper handling may result in errors in the results. Incorrect file format may cause problems in editing and further processing of the data or accuracy for calculations.
- **GEP File Size:** This topic is actually about loading the sequence, very large files loaded into GenEditPro can disrupt regular behavior, large files may take a bit longer to load and process. Please note that the GEP file is a quantitative and metadata summary that will usually be small to medium-small, depending on the number of sequence fragments you have chosen.
- **Calculation Accuracy:** Analysis results are as accurate as the data in the GEP file. Please ensure that sequence editing has been performed correctly before proceeding.
- **GEP Backups:** Always make a backup of the original GEP file before editing it. This will ensure that no important data is lost if any errors occur during editing.
- **Saving Results:** Be sure to store the GEP file generated after the analysis as it contains important results.



## Common Problems

1. **Error Loading GEP File:** If you are unable to load the GEP file, please verify that the file is in the supported format ( .gep ) and is not corrupted.
  - If the file does not upload correctly, make sure the file is in the correct format and is not corrupted.
2. **Data Validation Errors:** If the system detects validation errors when saving changes, ensure that all required fields are completed and the values are valid.
3. **Incorrect Results in Analysis:**
  - If the results appear incorrect, verify that the selected sequences and quantitative calculations are accurate.

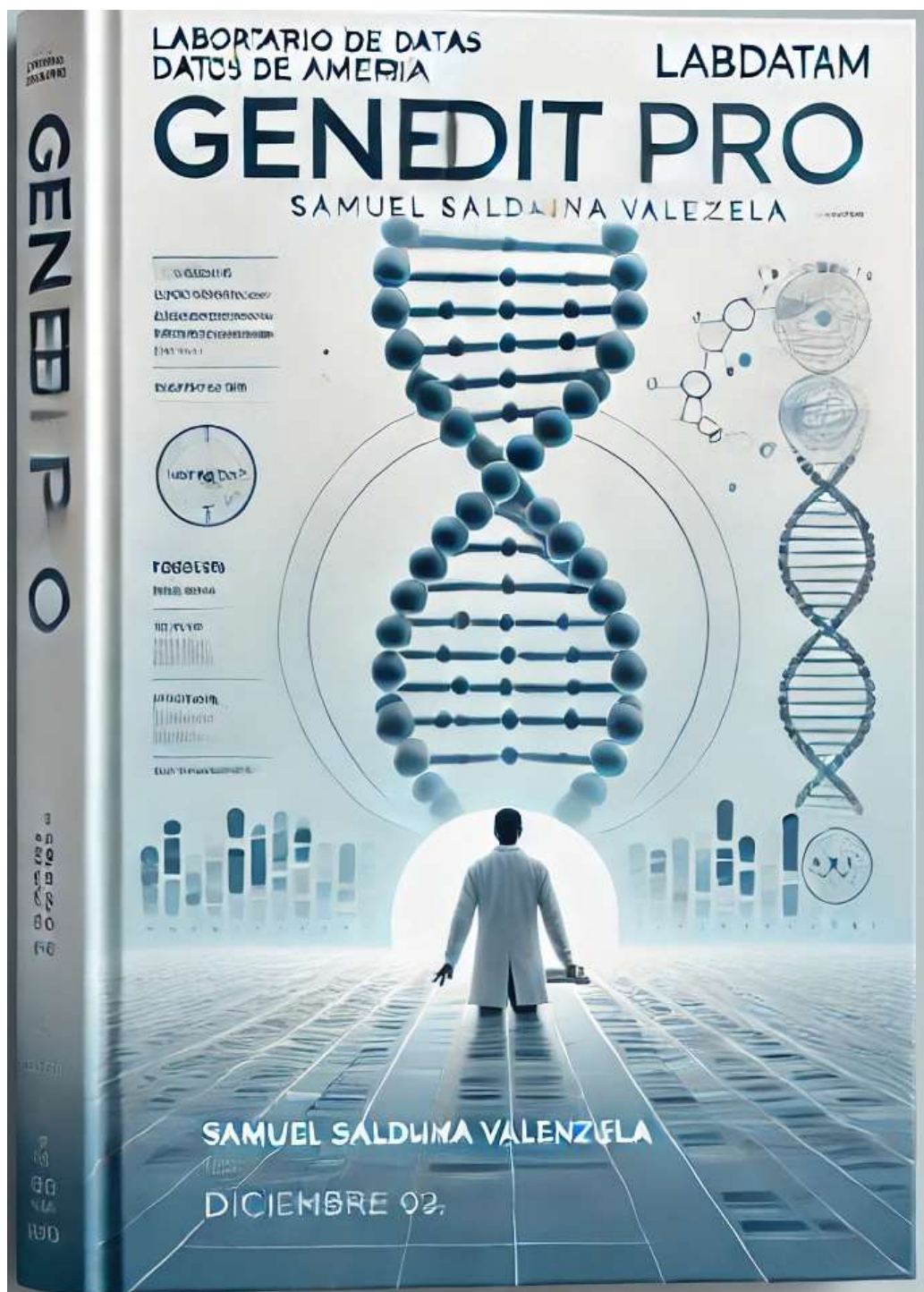
## Tips

- **Final Review:** After making significant changes, carefully review all parameters before saving.
- **Regular Backup:** Backup GEP files to prevent data loss.



# Manual de Usuario GenEditPro v. 1.0

Versión Español







# GenEditPro

---

**Editorial:** Laboratorio de Datos de América, LabDATAM

**Dirección de la Editorial:** Panamá

**Ciudad, País:** Chiriquí, Panamá

**Fecha de publicación:** diciembre 09, 2024

## **Autores**

- Autor Principal: Samuel Saldaña Valenzuela

## **Colaboradores o Equipos de Trabajo**

- Editor: María Antonieta Villalobos Vindas
- Diseño de Portada: Samuel Saldaña Valenzuela
- Equipo de Desarrollo: Samuel Saldaña Valenzuela y María Antonieta Villalobos

## **Fecha de Publicación**

- Diciembre, 2024.

## **Número de Edición**

- **No. de edición:** Primera edición.

**ISBN & ISSN:**• ISSN: 2710-7701

## **Derechos de Autor**

Copyright (2024): Samuel Saldaña Valenzuela. Laboratorio de Datos de América, LabDATAM. Todos los derechos reservados.

## **Información de Contacto**

- **Dirección de la Editorial o Institución:** Panamá.
- **Página Web:** [www.labdatam.com](http://www.labdatam.com)
- **Correo Electrónico o Teléfono de contacto:** [director@labdatam.com](mailto:director@labdatam.com); [subdirector@labdatam.com](mailto:subdirector@labdatam.com)  
+507 66315973



## Manual de usuario: GenEditPro v. 1.0

Elaborado por el Laboratorio de Datos de América, LabDATAM.com

Diciembre, 2024.

**GenEditPro** es una herramienta web avanzada para la edición, análisis y visualización de datos genómicos. Este manual está diseñado para guiar a usuarios de todos los niveles en el uso eficiente de cada sección de la plataforma.

### Introducción

**GenEditPro** es una herramienta avanzada de edición y análisis genético, diseñada para facilitar la manipulación eficiente de secuencias genéticas, realizar análisis estadísticos y de machine learning sobre los datos, y generar reportes detallados para la toma de decisiones en investigaciones y proyectos científicos.

La aplicación se estructura en diversas áreas temáticas que cubren funcionalidades esenciales para los investigadores y profesionales en genética, incluyendo:

4. **Edición Genética**
5. **Análisis de Datos**
6. **Generación de Reportes**

**GenEditPro** proporciona una interfaz intuitiva y accesible para el usuario, en la que pueden subir archivos de secuencias genéticas, realizar diversas tareas de análisis, y visualizar gráficos interactivos que faciliten la interpretación de los resultados.

A lo largo de este manual, se detallarán las funcionalidades y procesos dentro de cada sección clave, comenzando con la configuración inicial, carga de archivos, y los análisis que se pueden realizar. Además, se guiará al usuario en cómo interpretar los resultados, generar reportes y exportarlos en varios formatos.

### Estructura del Manual:

- **Index (Introducción y navegación básica)**
- **GenEditPro (Edición de secuencias genéticas)**
- **Análisis de Datos (Estadísticas y Machine Learning)**
- **Reportes (Generación y exportación de reportes)**



## 1. Introducción a la herramienta GenEditPro

**GenEditPro** es una herramienta avanzada desarrollada para la edición y análisis de secuencias genéticas, que permite a los usuarios trabajar con diversos formatos de archivos como **BLAST**, **FASTA**, **JSON**, **CSV**, **TXT** y **GAL** o **Gene-A-Line** (o archivo de Aligment y Purified es un archivo propietario de GenEditPro). A través de esta aplicación, los usuarios pueden cargar sus archivos, realizar análisis estadísticos y de Machine Learning, y generar reportes en formato PDF de manera eficiente.



### Estructura de la aplicación:

La aplicación se organiza en diversas secciones temáticas, que incluyen:

- **Carga de archivos con secuencias:** El usuario dispone de una fuente de datos de secuencias el cual, tras la carga en un editor, puede elegir secciones o fragmentos de secuencia con el mouse en ambos sentidos. Tanto de derecha a izquierda como viceversa, en este mismo sentido puede emplear la función para deseleccionar lo marcado o resaltado.
- **Edición de secuencias genéticas:** Permite editar las secuencias genéticas de los archivos cargados.
- **Análisis de datos:** Proporciona herramientas estadísticas y de Machine Learning para interpretar los datos genéticos.
- **Generación de reportes:** Permite crear informes en formato PDF basados en los análisis realizados.

### Flujo de trabajo:

5. **Carga de archivos:** El usuario puede cargar archivos en formatos **BLAST**, **FASTA**, **JSON**, **CSV**, **TXT** y **GAL (Gene-A-Line o Gene Alignment)**.

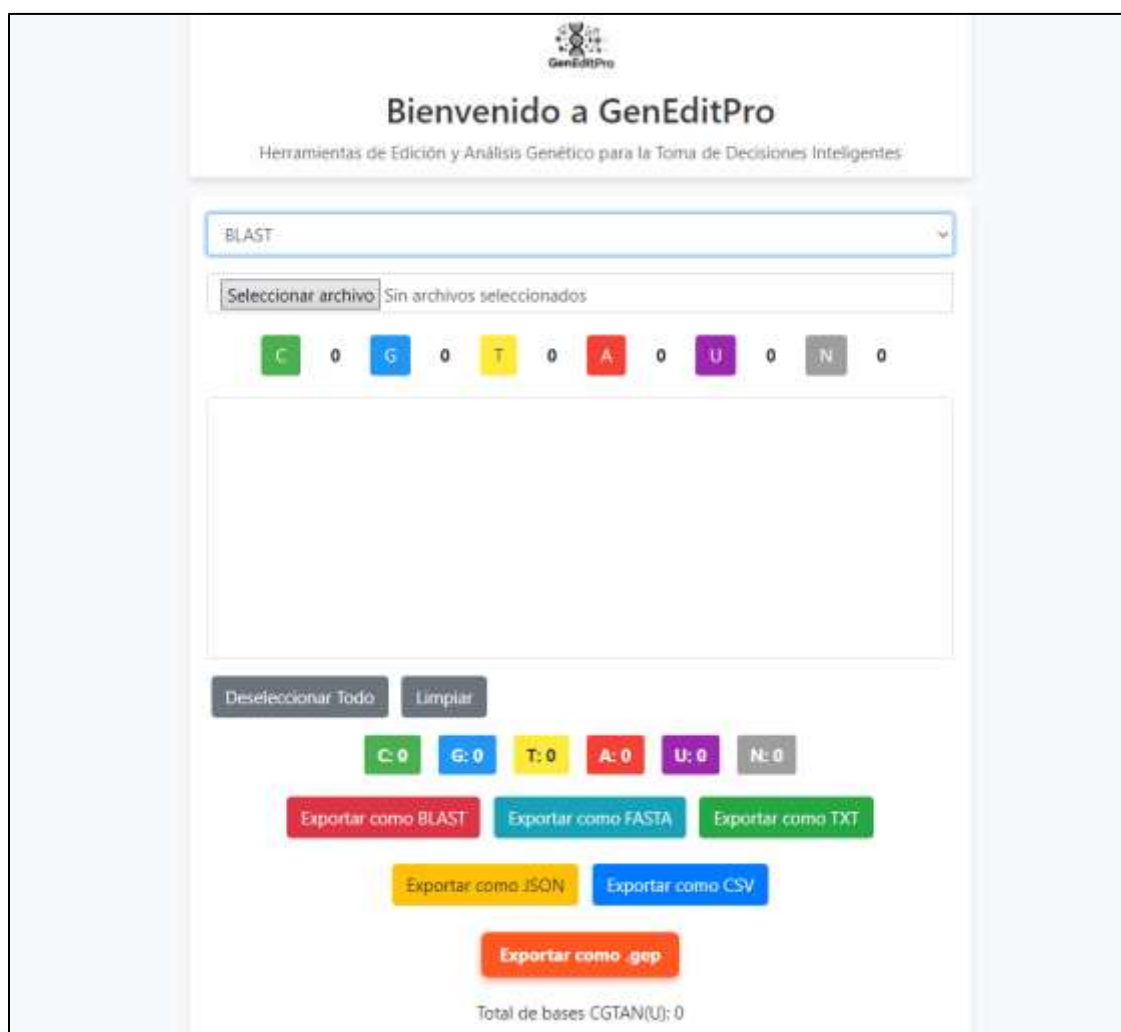


Figura 1. Carga de archivos según formato de secuencia.

6. **Edición de secuencias:** Una vez cargado el archivo, se pueden realizar ediciones sobre las secuencias genéticas contenidas en el archivo.



The screenshot displays the GenEditPro web interface. At the top, it says "Bienvenido a GenEditPro" and "Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes". Below this, there is a dropdown menu set to "BLAST" and a file selection field containing "DArT\_Apple.blast". A row of colored buttons represents nucleotide counts: C (0), G (0), T (0), A (0), U (0), and N (0). A text area shows a sequence starting with "> aPa-182409" followed by several lines of DNA sequence. Below the text area are buttons for "Deseleccionar Todo" and "Limpiar". A summary row shows counts: C: 314154, G: 310737, T: 469255, A: 474594, U: 0, N: 12008. Below this are buttons for exporting the data: "Exportar como BLAST", "Exportar como FASTA", "Exportar como TXT", "Exportar como JSON", "Exportar como CSV", and "Exportar como .gcp". At the bottom, it states "Total de bases CGTAN(U): 1580748".

Figura 2. Edición de secuencias.



Vista de Cálculos

### Metadata del archivo

**Fecha de Creación del Informe:** 2024-12-09 18:32:51

**Nombre del archivo cargado:** exported\_selection.gep

**Datos de GEP:**

Fecha de Creación del Informe: 12/07/2024, 18:28:37

Nombre del archivo cargado: sample.fasta.txt

**Totales originales:**

Total bases CGTAUN: 620

Desglose:

C: 143 G: 141 T: 155 A: 163 U: 12 N: 6

**Bases seleccionadas:**

Total: 256

Desglose:

C: 55 G: 61 T: 59 A: 69 U: 12 N: 0

**Secuencias:**

secuencia1: C: 11 G: 19 T: 11 A: 15 U: 4 N: 0  
secuencia2: C: 14 G: 15 T: 21 A: 10 U: 0 N: 0  
secuencia3: C: 13 G: 15 T: 12 A: 20 U: 0 N: 0  
secuencia4: C: 17 G: 10 T: 11 A: 22 U: 0 N: 0  
secuencia5: C: 0 G: 2 T: 0 A: 2 U: 0 N: 0  
secuencia6: C: 0 G: 0 T: 4 A: 0 U: 0 N: 0  
secuencia7: C: 0 G: 0 T: 0 A: 0 U: 8 N: 0

Figura 4. Metadatos y Cálculos estadísticos y Machine Learning



8. **Generación de Reportes:** El usuario puede exportar los resultados de los análisis a un archivo PDF.



Figura 5. Reportes por técnicas y herramientas bioinformáticas.

#### Consideraciones:

- No es necesario registrarse para usar **GenEditPro**.
- La versión de la aplicación es gratuita y se puede usar sin ningún tipo de autenticación.





## Carga y Edición de archivos en GenEditPro

### Descripción

GenEditPro es una herramienta especializada en la **edición de secuencias genéticas y el manejo de archivos GEP** (Generación de Entradas de Proceso) para el análisis cuantitativo de las secuencias genéticas. Esta funcionalidad permite a los usuarios modificar fuentes de datos de secuencias y generar archivos GEP, ajustando las entradas del sistema según las necesidades de procesamiento específicas para su procesamiento y análisis matemático.

**GenEditPro** es una herramienta diseñada para trabajar con archivos que contienen secuencias de bases nucleotídicas, como **Fasta, Blast, JSON, CSV, TXT y GAL** o **Gene-A-Line** (o archivo de Alignment y Purified es un archivo propietario de GenEditPro). La aplicación permite cargar estos archivos, realizar selección y deselección de fragmentos de secuencias, y generar reportes cuantitativos sobre las bases nucleotídicas. Además, es posible exportar los datos modificados a diversos formatos de archivo, incluyendo **GEP** para su posterior análisis.

### Funcionalidad Principal

- **Edición de archivo de secuencia:** Los usuarios pueden cargar y modificar la fuente de datos de archivos BLAST, FASTA, JSON, CSV, TXT y **GAL** facilitando la visualización y modificación de los datos contenidos dentro de ellos.  
  
Desde el editor puede con el mouse (derecha-izquierda y viceversa) seleccionar/deseleccionar fragmentos de secuencia que se irán resaltando o remarcando para ser guardados en archivos tipo o extensión GEP (GenEditPro: \*.gep), con el objetivo de preparar datos para su posterior procesamiento o análisis. El sistema proporciona una interfaz intuitiva para editar las entradas con el mouse, sin la necesidad de manipular directamente los archivos fuentes cargados.
- **Exportar de Archivos GEP:** La herramienta permite exportar archivos **GEP** con los botones inferiores, aparece aislado el tipo **GEP** que es propietario. Este archivo podrá ser cargado en la sección de Análisis en la plataforma para realizar cálculos y generación de gráficos en Estadística Descriptiva, Inferencial y Machine Learning.
- **Parámetros de GEP:** Dentro de los archivos **GEP**, los usuarios podrán ver el metadato como fechas, valores numéricos como conteos totales del archivo, totales por base nucleótido, total de nucleótidos seleccionados y la suma total de estos. A estos datos, el usuario podrá emplear tras un solo click en botones de cálculos y gráficos en estadística y Machine Learning.

## Sección 1: Carga de Archivos

### 4. Acceder a GenEditPro:

- Inicie la aplicación y acceda a la interfaz principal.



Figura 6. Portada principal (index)

### 5. Seleccionar archivo para cargar:

- Desde el menú principal, haga clic en el botón **Seleccionar archivo**.



Figura 7. Seleccionar archivo fuente de secuencia de datos.

- Aparecerá un cuadro de diálogo donde podrá seleccionar el archivo a cargar. Los formatos compatibles son:

www.geneditpro.com + www.labdatam.com

- **Fasta** ( .fasta )
  - **Blast** ( .blast )
  - **JSON** ( .json )
  - **CSV** ( .csv )
  - **TXT** ( .txt )
  - **GAL** ( .gal )
- Haga clic en **Abrir** para cargar el archivo seleccionado.

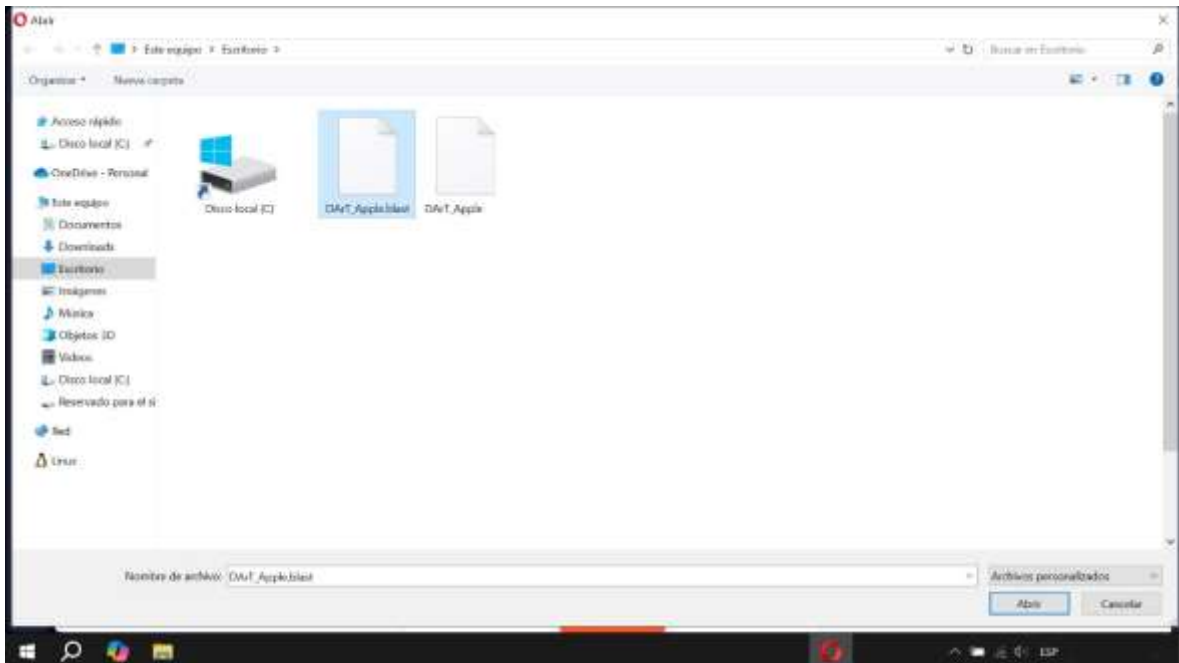


Figura 8. Abrir cuadro de diálogo Windows y seleccionar archivo de secuencias.

## 6. Verificación de archivo cargado:

- Después de cargar el archivo, la interfaz mostrará el contenido del archivo en un área de visualización. Asegúrese de que las secuencias nucleotídicas sean las correctas antes de proceder con la edición.

GenEditPro Ir al Inicio GenEditPro Análisis de Datos Reportes Español

## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo DArT\_Apple.blast

C 0 G 0 T 0 A 0 U 0 N 0

```
>aPa-182409
cggatccnctagtaacggccgagtgctgctggaattcgccctcagtcgaagtaggtagcagcccttaaattgagt
ggtggaaaaaattgctatgaacaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatggaatagagata
tgacctcagccttaattgacaagtagattatcaacagcggagtttgtaggacgtaagcaaatggatgaacctCta
atcaacagggcttcacagcatgcaccatggtggatgcttgcccgtccaggcattcctagtataagagcgtagctctt
tgctgtaagtatctggatattgtgaaatagtaaatgtccatattcaatagataactggaagattagtcaacaatt
ttagcctcaggatacagacttctgtggaagatcgaaacgataagtcatCgtaggCgtaccagtgcgcaagatcgaa
acgataagtattatgaaaaatggtagatgtatagaaaacctaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC
```

Deseleccionar Todo Limpiar

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT

Exportar como JSON Exportar como CSV

Exportar como .gep

Figura 9. Secuencias cargadas al editor de GenEditPro.

## Sección 2: Edición de Secuencias


### 4. Selección de fragmentos:

- Para **seleccionar** fragmentos de la secuencia, haga clic y arrastre con el **mouse de derecha a izquierda** (o viceversa).
- Mientras mantiene el clic, puede seleccionar los fragmentos de bases nucleotídicas que desee.



Figura 10. Selección de fragmentos de secuencias en el editor. Sentido de selección con el mouse de derecha a izquierda o viceversa.

GenEditPro [Ir al Inicio](#) [GenEditPro](#) [Análisis de Datos](#) [Reportes](#) Español ▾



## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST ▾

Seleccionar archivo

C 15
G 10
T 12
A 24
U 0
N 1

```

aPa-182409
cggatccnctagtaacggccgcagtggtggaattcgccctcagtcaagttagatggtgcagcccttaattgagt
ggtgaaaaaattgctatgaacaaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgtaaatagagata
tgacctcagccttaattgacaagtagattatcaacagcggagtttgtaggacgtaagcaaatggatgaacctCta
atcaacagggtttcacagcctgcacatggtggatgtcttgccgttccaggcattcctagataagagcgtagtcctt
tgctgtaagtatcggatattgtgaattagtaaatgtccatattcaatagataactggaagattagtgcaacaatt
ttagcctcaggatacagacttctgtggaagatcgaacgataagtcacgtaggtCgtaccagtgcgcaagatcgaa
acgataagtattatggaaaaatggtagatgatagaaaacctaaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC

```

Deseleccionar Todo
Limpiar

C: 314154
G: 310737
T: 469255
A: 474594
U: 0
N: 12008

Exportar como BLAST
Exportar como FASTA
Exportar como TXT

Exportar como JSON
Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Figura 11. Fragmento seleccionado. Las cifras se acumulan, se actualizan todos los contadores de selección.

## 5. Deselección de Fragmentos:

- Para **deseleccionar** una parte de la secuencia previamente seleccionada, haga clic y arrastre con el **mouse de izquierda a derecha**.



GenEditPro | Ir al Inicio | GenEditPro | Análisis de Datos | Reportes | Español

Bienvenido a GenEditPro  
Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo: DArT\_Apple.blast

C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1

> aPa-182409  
cggatccnctagtaacggcgcagtgctggaatlogccctcagtcaggttagatggtgcagcccttaattgagt  
gggggaaaaattgctatgacacgaacaaataaataatgatagaaaaacagcttatcaatggatgaaatagata  
tgacctcagccttaatttgacaagtagattatcaacagcggagtttggtaggacgtaagcaaatggatgaacctCa  
atcaacagggctttcacagcagcaccatggtggtgctctgcccgttccaggcattcctagtataagcgtagtcctf  
tgctgtaagtatcggatattgtaattagtaaatgcccatttcaatagataactggaagattaggtcaaacatt  
ttagctcaggatacagactttcgtgggaagatcgaacgataagtcacgtaggtCgtaccagtcgcaagatcga  
acgataagattatggaaaaatggtagatgfatagaaaaccttaagaatggctCgacgctgacatcattaaatttctC

Deseleccionar Todo | Limpiar

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

Exportar como BLAST | Exportar como FASTA | Exportar como TXT

Exportar como JSON | Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Figura 12. Marcado para deseleccionar fragmentos de secuencias en el editor. Sentido de selección con el mouse de derecha a izquierda o viceversa.

GenEditPro Ir al Inicio GenEditPro Análisis de Datos Reportes Español

**Bienvenido a GenEditPro**  
 Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo: DAiT\_Apple.blast

C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1

```

Pa-182409
ggatccnctagtaacggccagtgctggaattcgccctcagtcaggttagatgggtgcagcccttaasattgagt
ggggaaaaaattgctatgaecaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgaaatagagata
fgacctcagccttaattfgacaagtagattatcaacagcggagtttgttaggaagcaaaatggatgaacctCta
atcaacagggtttcacagcatgcacatggtggatgcttgcctccgctccaggcattcctagtataagagcgtagtcctf
fgctgtaagtaactggatattggtgaattagtaaatgccaatccaatagataactggaagattagtgcaacaatt
ttagcctcaggatacagactttctgtgggaagatgaaacgataagtcacgtaggtCgtaccagtgccgaagatcgaa
acgataagtattatgaaaaatggtagatgtatagaaaaccttaagaatgctCgacgctgatcatcattaaattctC
  
```

Deseleccionar Todo Limpiar

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT  
Exportar como JSON Exportar como CSV  
Exportar como .gcp

Figura 13. Fragmento deseleccionado y cifras descontadas de las bases por selección.





## 6. Cálculo Cuantitativo:

- **GenEditPro** mostrará en tiempo real el **total de bases nucleotídicas**:
  - **Total de carga**: Número total de bases nucleotídicas en el archivo cargado.
  - **Total por base de nucleótido**: Desglose por tipo de base (A, T, C, G, U y N=Neutral).
  - **Total por bases nucleotídicas seleccionadas**: Desglose cuantitativo de las bases nucleotídicas en los fragmentos seleccionados.

Estos cálculos se realizarán automáticamente a medida que el usuario realiza la selección y deselección de las secuencias.

  
**Bienvenido a GenEditPro**  
Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo DARt\_Apple.blast

**C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1**

```
aPa-182409
cggatccnctagtaacggccgccagtggtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagcccttaaatgagt
gggggaaaaaattgctatgaacaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgtaaataagata
tgacctcagccttaattgacaagtagattcaacacgaggtttgttaggacgtaagcaaaatggatgaacctCta
atcaacagggtttcacagcatgcacctgggtgcttgcgggtccaggcattcctagtataagagcgtagtcctt
tgcgtaagatctggatattgtgaattagtaaatgccaatattcaatagataactggaagattagtcaaaacaatt
ttagcctcaggatacagactttctgtgggaagatcgaaacgataagtcCgtaggtCgtaccagtgcgcaagatcgaa
acgataagtattatggaaaaatggtagatgtatagaaaaccttaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC
```

Deseleccionar Todo   Limpiar

**C: 314154   G: 310737   T: 469255   A: 474594   U: 0   N: 12008**

Exportar como BLAST   Exportar como FASTA   Exportar como TXT

Exportar como JSON   Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Total de bases CGTAN(U): 1580748

Figura 14. Conteos totales de la secuencia tras la carga de archivo, totales de secuencia por base de nucleótidos. Y, total por bases de nucleicos seleccionados.

### Sección 3: Exportación de Archivos

Una vez que haya editado y seleccionado las secuencias deseadas, puede proceder a exportar los datos modificados a los siguientes formatos:

#### 4. Exportación a formatos varios:

- Desde el menú de exportación, haga clic en **Exportar**.
- Se le pedirá elegir el formato en el que desea exportar:
  - **Blast** ( .blast )
  - **Fasta** ( .fasta )
  - **JSON** ( .json )
  - **CSV** ( .csv )
  - **TXT** ( .txt )
  - **GEP** ( .gep ), para su posterior uso en la fase de análisis.

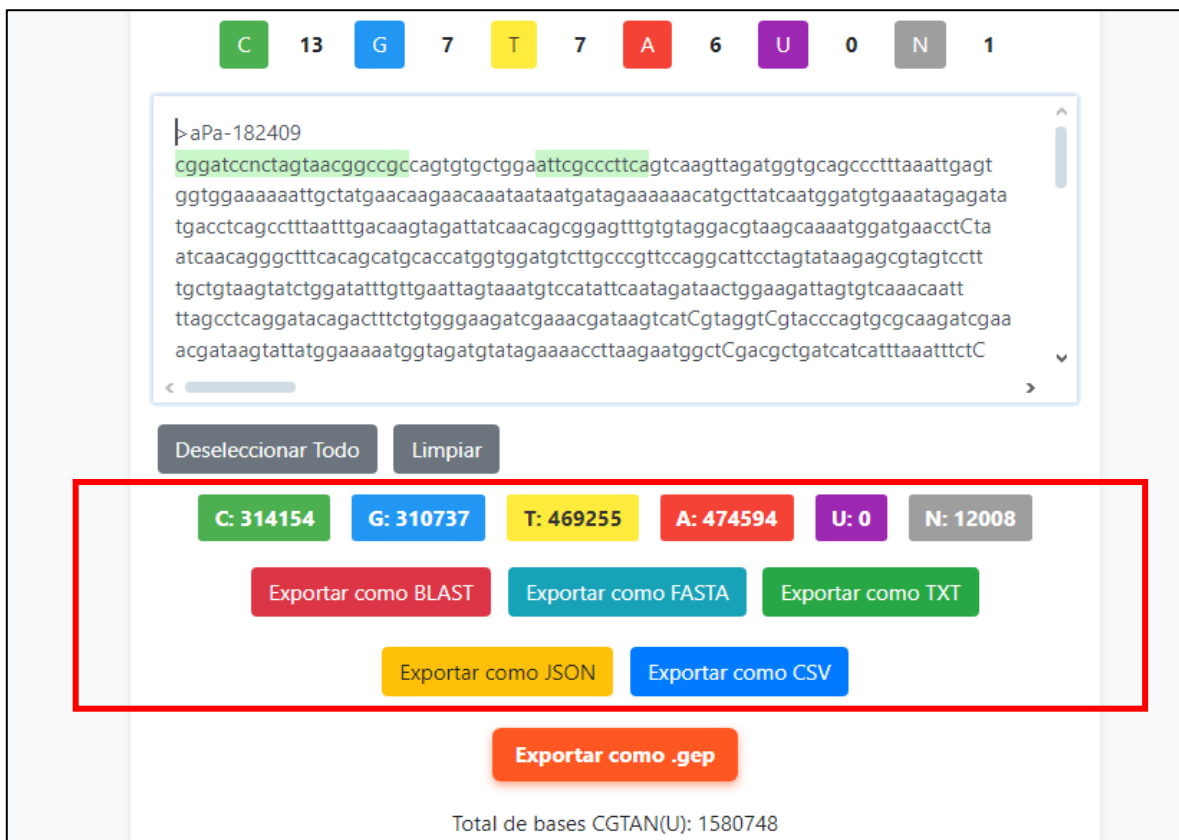


Figura 15. Botones de exportación de datos en formatos: BLAST, FASTA, TXT, JSON y CSV. Además, los archivos JSON, CSV y GEP contienen las secuencias seleccionadas y cifras.

## 5. Generación del Archivo:

- Después de seleccionar el formato, GenEditPro generará el archivo correspondiente y ofrecerá la opción de **guardar** el archivo en su dispositivo.

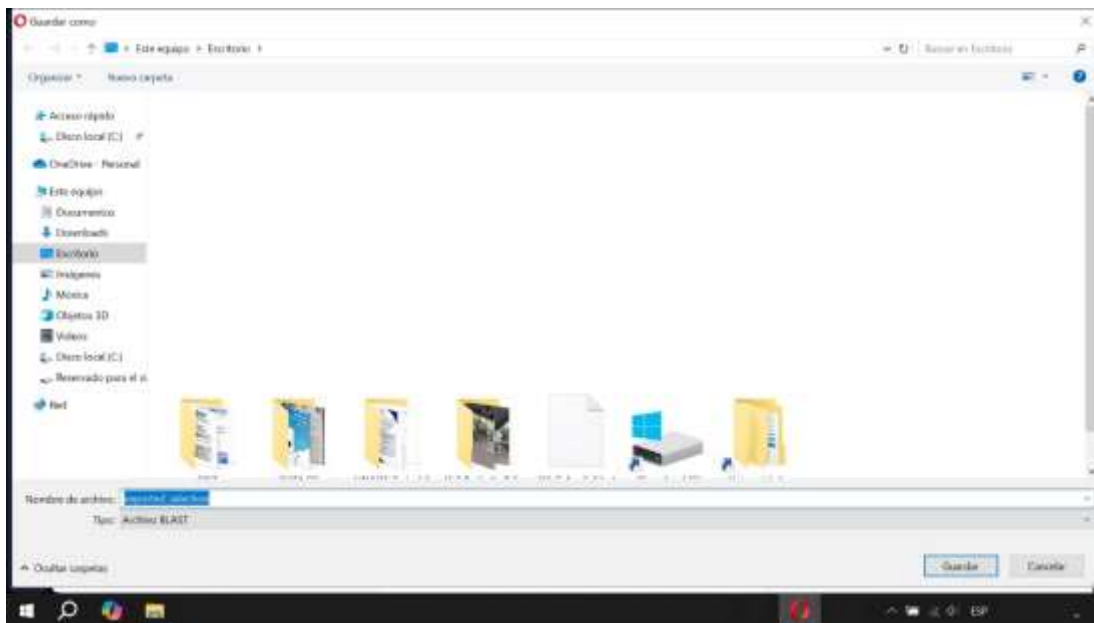


Figura 16. Archivo a exportar formato BLAST.



Figura 17. Contenido de secuencias seleccionadas. Recordar que solo JSON, CSV y GEP guardan cifras, pero este último contiene metadata.

```
exported_seleccion: Bloc de notas
Archivo Edición Formato Win Ayuda
Descripción,C,G,T,A,U,N
"Total en Original",314154,310737,469255,474594,0,12008
"Total Seleccionado",13,7,7,6,0,1
"Secuencia Seleccionada",,,,,,"cggatcncntagtaacggccgc
attgccttca"
```

Figura 18. Contenido CSV, contiene cifras al igual que JSON.

```
exported_seleccion.gap: Bloc de notas
Archivo Edición Formato Win Ayuda
# Metadata:
Fecha: 2024-12-09 14:12:16
Nombre del archivo original: D&T_Apple.blast
Total de bases CGTAM en original: 1580748
C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 N: 12008 U: 0
Total de bases seleccionadas: 34
C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 N: 1 U: 0

# Secuencias:
>secuencia1
C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0
cggatcncntagtaacggccgc
>secuencia2
C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 N: 0 U: 0
attgccttca
```

Figura 19. Contenido de GEP, contiene cifras y metadatos.



## 6. Verificación y Confirmación:

- Verifique el archivo exportado para asegurarse de que los datos se hayan exportado correctamente en el formato elegido.

## Consideraciones Importantes

- **Formato del Archivo:** Asegúrese de que el archivo que está cargando sea uno de los formatos compatibles (BLAST, FASTA, JSON, CSV, TXT, GEP). Si el archivo no está en el formato correcto, GenEditPro le notificará un error.
- **Respaldo de Archivos:** Se recomienda hacer copias de seguridad de los archivos antes de realizar modificaciones importantes para evitar la pérdida de datos.
- **Precisión de la Selección:** Al seleccionar fragmentos de secuencias, asegúrese de que está marcando correctamente las regiones de interés para obtener cálculos precisos.
- **Seguridad:** Si los archivos contienen información sensible o datos importantes, asegúrese de tomar medidas adecuadas de seguridad para proteger los archivos y la información contenida en ellos.

---

## Problemas Comunes

3. **Error al Cargar el Archivo:** Si GenEditPro no puede cargar el archivo, asegúrese de que el archivo esté en el formato adecuado y no esté dañado.
4. **Selección de los Cálculos Cuantitativos:** Domine la temática sobre los cálculos deseados para que aporte valor a su reporte, verifique que las selecciones de las secuencias sean precisas y que el archivo cargado contenga datos esperados.



## 2. Análisis de Archivos GEP

### Descripción General

El archivo **GEP** (Gene Edit Pro) se genera tras la edición de las secuencias de nucleótidos utilizando **GenEditPro**. Esta fase de **Análisis** tiene como objetivo procesar el archivo **GEP** para obtener insights relevantes sobre las secuencias y realizar análisis cuantitativos más complejos.

### Procedimiento para manipular un Archivo GEP

#### 5. Acceso al Módulo de selección:

- Ingrese al módulo de **Edición de Archivos GEP** desde el menú principal de GenditPro.

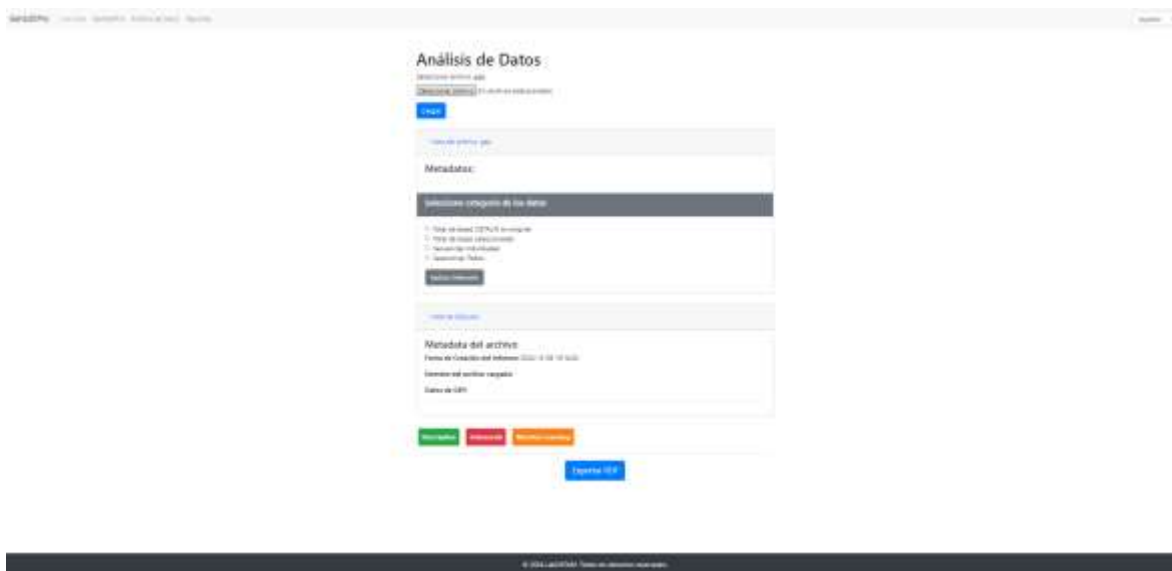


Figura 20. Módulo o sección de Análisis.

## 6. Carga del Archivo GEP:

- Haga clic en el botón **Cargar** y seleccione el archivo GEP desde su dispositivo.
- El sistema mostrará el contenido del archivo GEP en la interfaz de metadatos.

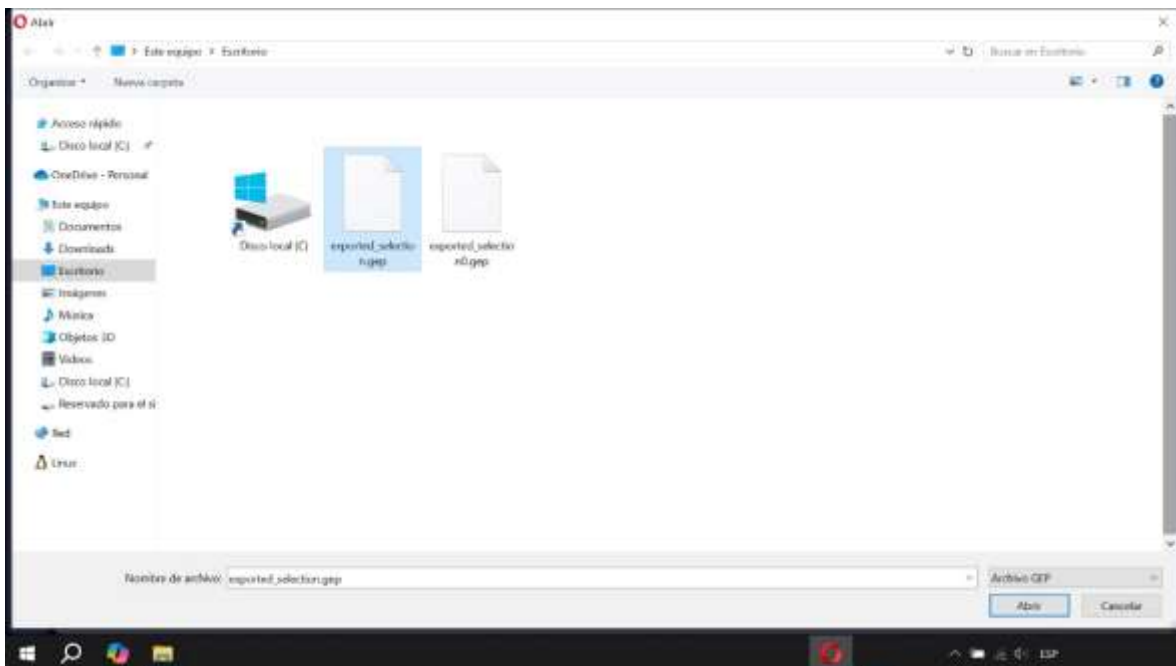


Figura 21. Apertura o carga del archivo GEP.



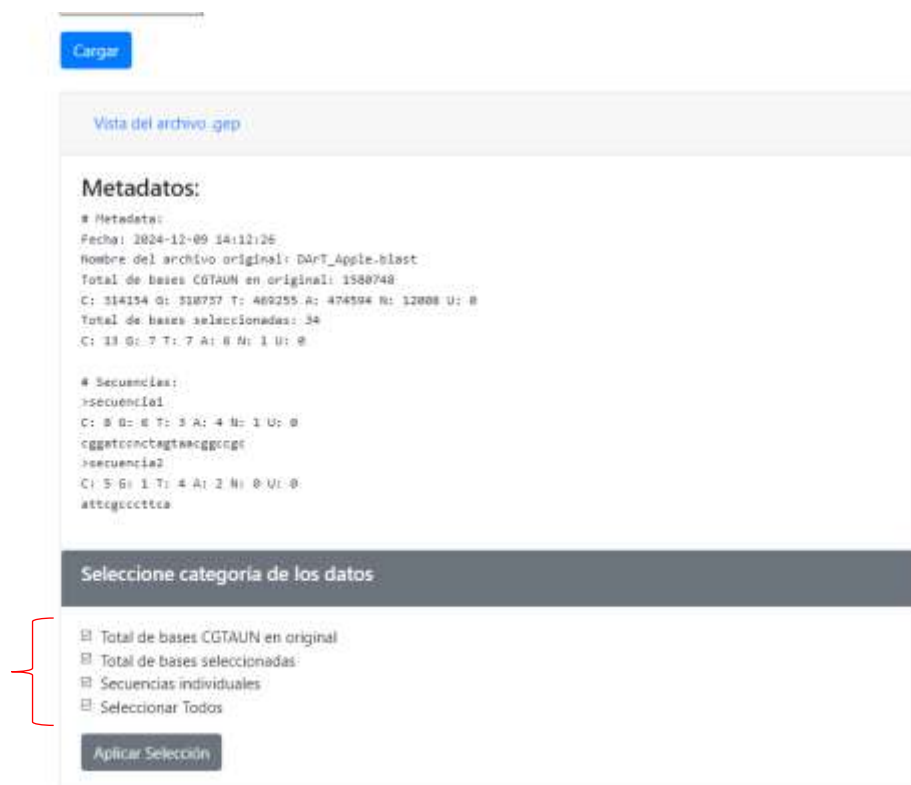
Figura 22. Presionar el botón azul de Cargar, los datos de GEP se verán en el panel de metadatos.





## 7. Selección de Datos:

- Una vez cargado el archivo, pueden verse los valores, ahora deben seleccionarse los parámetros deseados.
- Puede seleccionar datos por categorías tras seleccionar con “check”, Checklist, cotejo o ganchos de la lista.
- Apretar el botón Aplicar selección, se cargarán los datos provenientes de GEP.



Cargar

Vista del archivo .gcp

**Metadatos:**

```
# Metadatos:  
Fecha: 2024-12-09 14:12:26  
Nombre del archivo original: DArT_Apple-blast  
Total de bases CGTAUN en original: 1580748  
C: 314154 G: 318757 T: 460255 A: 474504 N: 12008 U: 0  
Total de bases seleccionadas: 34  
C: 13 G: 7 T: 7 A: 0 N: 1 U: 0
```

# Secuencias:  
>secuencia1  
C: 0 G: 0 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0  
cggetcncctagttaacggcgc  
>secuencia2  
C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 N: 0 U: 0  
attgccttca

**Selección categoría de los datos**

- Total de bases CGTAUN en original
- Total de bases seleccionadas
- Secuencias individuales
- Seleccionar Todos

Aplicar Selección

Figura 24. Seleccionar la categoría de datos por medio de check, Checklist, cotejo o ganchos.

## 8. Aplicar Selección:

- Después de realizar las modificaciones, haga clic en **Guardar** para actualizar el archivo GEP.
- El archivo modificado se guardará en su ubicación original o en una nueva ubicación, dependiendo de su selección.



Aplicar Selección

Vista de Cálculos

### Metadata del archivo

**Fecha de Creación del Informe:** 2024-12-09 19:22:17

**Nombre del archivo cargado:** exported\_selection.gep

#### Datos de GEP:

Fecha de Creación del Informe: 12/09/2024, 14:12:26

Nombre del archivo cargado: DArT\_Apple.blast

#### Totales originales:

Total bases CGTAUN: 1580748

Desglose:

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

#### Bases seleccionadas:

Total: 34

Desglose:

C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1

#### Secuencias:

secuencia1: C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1

secuencia2: C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0

Figura 25. Presionar botón de Aplicar Selección para cargar la metadata seleccionada.



### Funcionalidades Adicionales

- **Vista Previa:** GenditPro permite ver una vista previa en el panel de cálculos antes de generar el reporte, asegurando que los parámetros seleccionados sean los correctos.
- **Validación de Datos:** El sistema valida las entradas del archivo GEP para evitar errores en los datos. Si se detecta alguna inconsistencia, el sistema alertará al usuario.

## Resumen

### Sección 1: Carga del Archivo GEP

4. **Acceder a la Sección de Análisis:**
  - En el menú principal, haga clic en la opción **Análisis**.
5. **Seleccionar el Archivo GEP:**
  - Se le pedirá seleccionar el archivo **GEP** generado previamente.
  - Desde el cuadro de diálogo de selección, ubique y seleccione el archivo GEP en su dispositivo y haga clic en **Abrir**.
6. **Verificación del Archivo:**
  - Después de cargar el archivo, la aplicación mostrará la información contenida en el GEP. Asegúrese de que los datos sean correctos y que no haya errores en la carga.

### Sección 2: Procesamiento de Datos del Archivo GEP

5. **Visualización de Datos:**
  - Una vez cargado el archivo GEP, los datos de las secuencias se organizarán para su análisis.
  - El sistema mostrará las **bases nucleotídicas**, su **frecuencia**, y las **secuencias seleccionadas** durante la fase anterior.

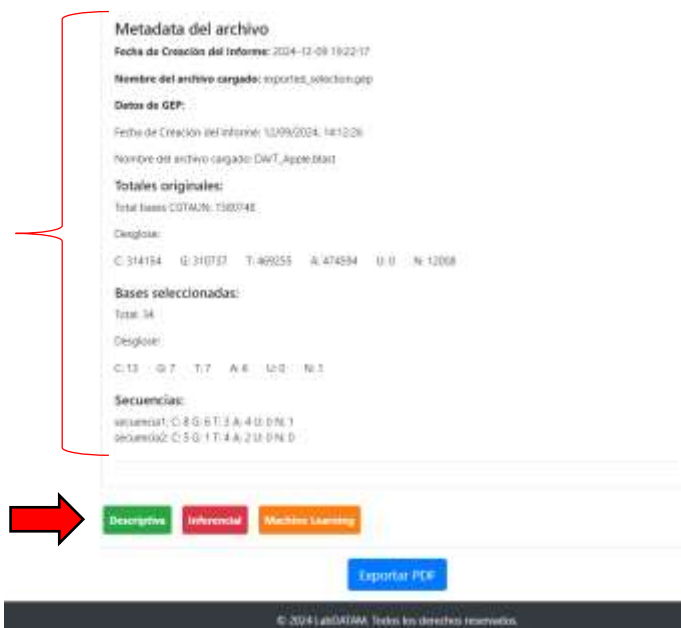



Figura 26. Metadata en el panel de cálculos, los botones de estadística Descriptiva, Inferencial y Machine Learning está a disposición para aplicar los cálculos.

## 6. Cálculos Cuantitativos:

- Los datos procesados desde el GEP permitirán realizar análisis cuantitativos más complejos, como:
  - **Distribución de bases nucleotídicas:** Muestra la cantidad de C, G, T, A, U, N en las secuencias.
  - **Frecuencia de secuencias seleccionadas:** Cuántas veces aparece una secuencia específica o patrón en el archivo.
  - **Análisis de fragmentos seleccionados:** Cuantificación de los fragmentos seleccionados en comparación con el total del archivo.



Fecha de Creación del Informe: 12/09/2024, 14:12:26

Nombre del archivo cargado: DArT\_Apple.blast

**Totales originales:**  
Total bases CGTAUN: 1580748

Desglose:

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

**Bases seleccionadas:**  
Total: 34

Desglose:

C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1

**Secuencias:**  
secuencia1: C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1  
secuencia2: C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0

Descriptiva Inferencial Machine Learning

Media Moda Mediana Min Max Quantile 25 Quantile 50 Quantile 75

Generar Gráfico

Figura 27. Selección de estadísticos (descriptivos).



Figura 28. Aplicación de la Media estadística a las categorías de datos: total de datos de la secuencia, total de la secuencia por base de nucleótidos. Total de bases nucleotídicas seleccionadas, gran total de bases seleccionadas.

### ESTADÍSTICA DESCRIPTIVA

#### Totales

Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
263458.00	0, 12008, 310737, 314154, 469255, 474594	312445.50	0.00	474594.00			
Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75					
12008.00	314154.00	469255.00					

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	314154.00	314154	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00
G	310737.00	310737	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00
T	469255.00	469255	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00
A	474594.00	474594	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	12008.00	12008	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00

#### Seleccionados

Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
5.67	7	6.50	0.00	13.00	1.00	7.00	7.00

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	13.00	13	13.00	13.00	13.00	13.00	13.00	13.00
G	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00
T	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00
A	6.00	6	6.00	6.00	6.00	6.00	6.00	6.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	1.00	1	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00

#### Secuencias

Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
2.83	0	2.50	0.00	8.00	1.00	3.00	5.00

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	6.50	5, 8	6.50	5.00	8.00	5.00	8.00	8.00
G	3.50	1, 6	3.50	1.00	6.00	1.00	6.00	6.00
T	3.50	3, 4	3.50	3.00	4.00	3.00	4.00	4.00
A	3.00	2, 4	3.00	2.00	4.00	2.00	4.00	4.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00	1.00	1.00

Descriptiva
Inferencial
Machine Learning

Media
Moda
Mediana
Min
Max
Quantile 25
Quantile 50
Quantile 75

Generar Gráfico

Exportar PDF

© 2024 LabDATAM. Todos los derechos reservados.

Figura 29. Aplicación de estadísticos (descriptivos) a las categorías de datos: total de datos de la secuencia, total de la secuencia por base de nucleótidos. Total de bases nucleotídicas seleccionadas, gran total de bases seleccionadas.



## 7. Generación de Gráficos:

- Los resultados del análisis pueden ser representados gráficamente. Por ejemplo:
  - **Gráficos de barras:** Para mostrar la distribución de nucleótidos en el archivo.
  - **Gráficos de líneas:** Para ilustrar la frecuencia de aparición de secuencias específicas.



Figura 30. Generar gráficos: Barras, Líneas, Circular, Dispersión y Seleccionar todas las opciones.

Descriptiva Inferencial Machine Learning

Media Moda Mediana Min Max Quantile 25 Quantile 50 Quantile 75

Generar Gráfico

- Gráfico de Barras
- Gráfico de Líneas
- Gráfico Circular
- Gráfico de Dispersión
- Seleccionar Todos

Exportar PDF

Figura 31. Selección de gráficos de Barras y Circular o Pie.

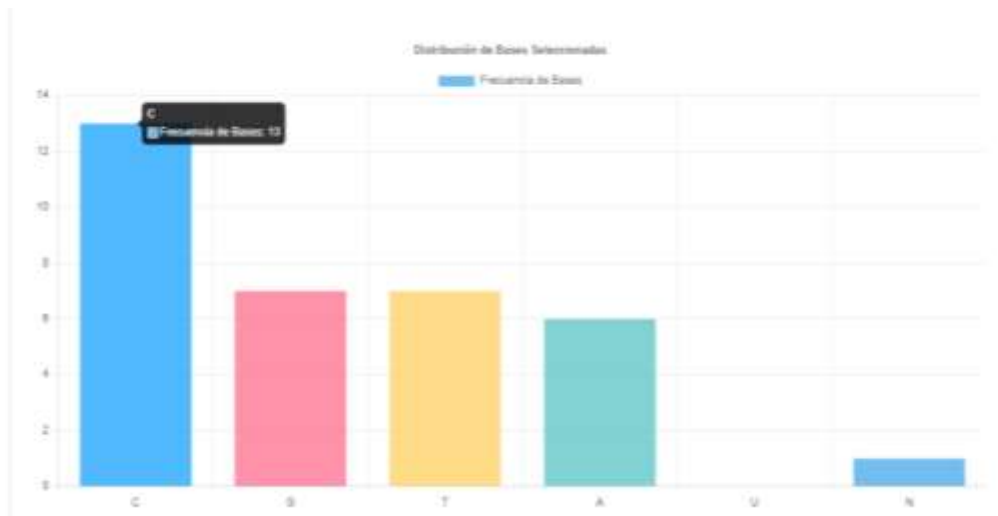


Figura 32. Muestra del gráfico de barras (estáticas o dinámica).

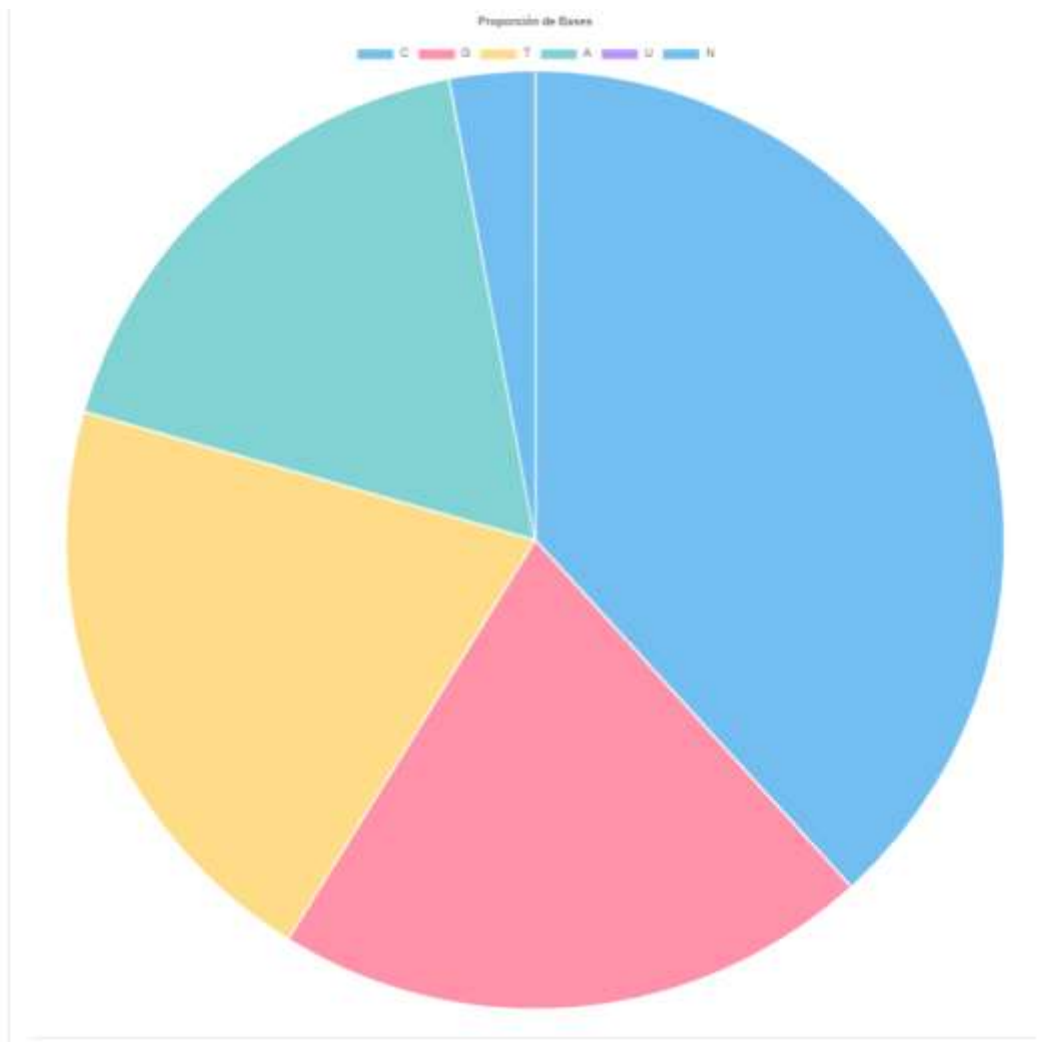


Figura 33. Muestra del gráfico de pastel, circular o pie.

## 8. Análisis Comparativo:

- **GenEditPro** también permitirá realizar un análisis comparativo entre diferentes fragmentos o secuencias del archivo GEP, proporcionando estadísticas como la media, moda, mediana, min, max, Q25, Q50, Q75, complementados con los gráficos antes mencionados.

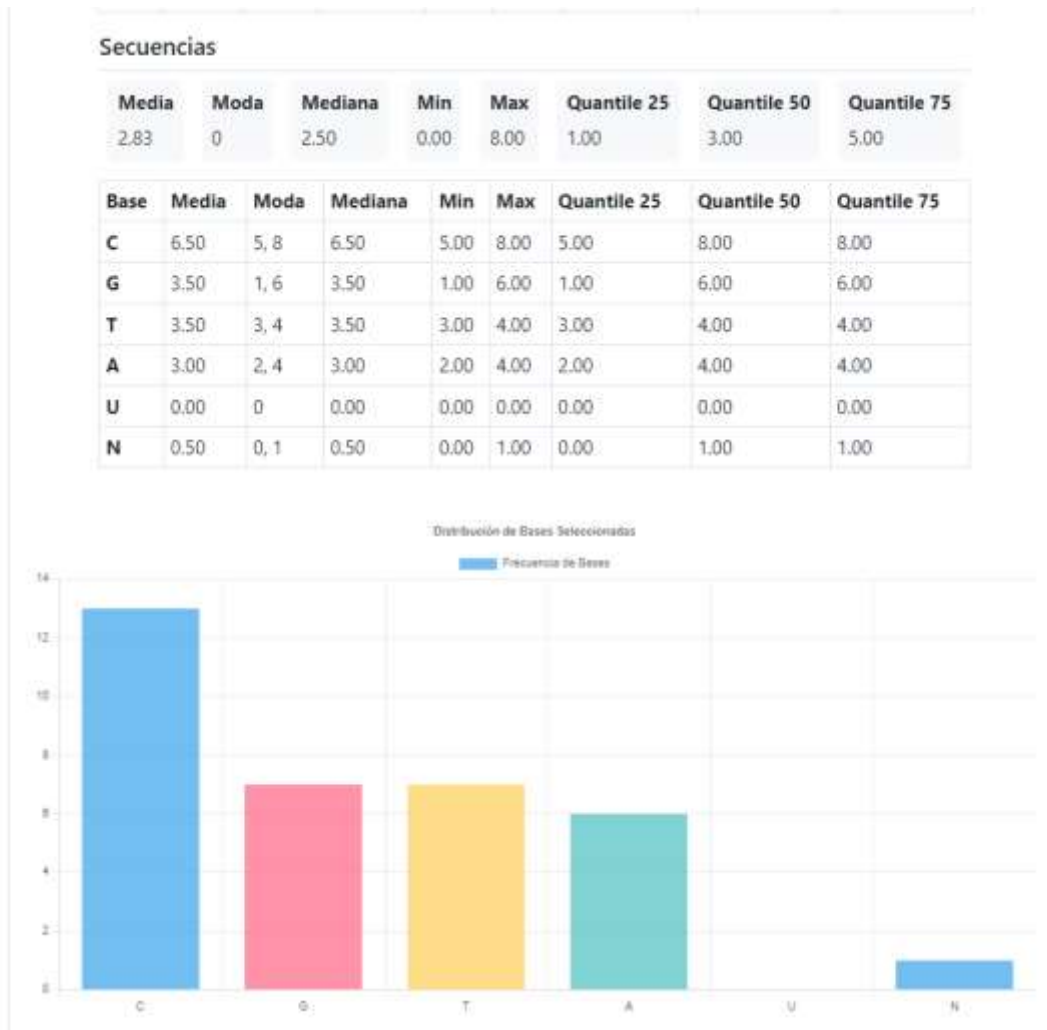


Figura 34. Gráficas y cuadros comparativos.

### Sección 3: Exportación de Resultados

#### 3. Generación de Reportes:

- Después de realizar el análisis, los resultados pueden ser exportados en diferentes formatos.
- Desde la opción **Exportar Resultados**, presione el único botón existente PDF:
  - **PDF**: Genera un reporte con los gráficos y análisis en formato imprimible.

#### 4. Exportar Resultados:

- Tras la apertura de una ventana de diálogo, se le pedirá que elija una ubicación para guardar el archivo exportado. Elija la ubicación deseada y haga clic en **Guardar**.

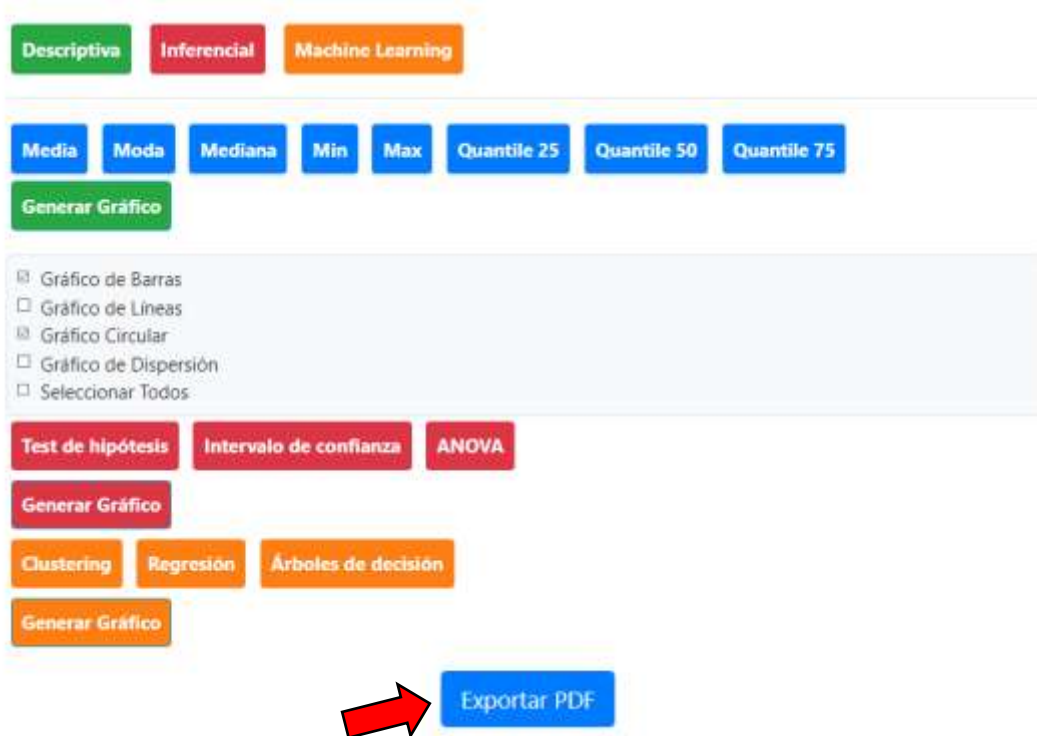


Figura 35. Botón azul para exportar los cálculos y gráficos a un archivo PDF.



## Sección 4: Visualización de los datos

### 3. Interfaz de Visualización de datos:

- En la sección de Análisis, tras la carga del archivo **GEP**, usted podrá visualizar en un panel la metadata, los fragmentos seleccionados por bases, totales globales, etc.
- En el panel de cálculos podrá ver los resultados de la elección de los distintos tipos los cálculos sean descriptivos, inferenciales o Machine Learning, para valorarlos con sus objetivos.

### 4. Análisis de Mutaciones o Variantes:

- Desde un enfoque cuantitativo y cualitativo, puede comprobar si el archivo contiene mutaciones o variantes en las secuencias, **GenEditPro** ofrecerá herramientas para identificar esas diferencias, calcular sus frecuencias, validar comportamientos entre cada base de nucleótidos o proteicos.

## Consideraciones Importantes

- **Formato del Archivo GEP:** Asegúrese de que el archivo **GEP** esté en el formato correcto antes de cargarlo en el sistema, su manipulación inapropiada puede generar error en los resultados. El formato de archivo incorrecto puede causar problemas en la edición y el procesamiento posterior de los datos o exactitud para los cálculos.
- **Tamaño del Archivo GEP:** En realidad este tópico corresponde a la carga de la secuencia, archivos muy grandes cargado en **GenEditPro** pueden alterar el comportamiento regular, grandes pueden tardar un poco más en cargarse y procesarse. Tenga en cuenta que el archivo **GEP** es un resumen cuantitativo y de metadatos que generalmente será pequeño o medianamente pequeño, dependerá de la cantidad de fragmentos de secuencias que haya elegido.
- **Precisión de los Cálculos:** Los resultados del análisis son tan precisos como los datos del archivo **GEP**. Asegúrese de que la edición de las secuencias se haya realizado correctamente antes de proceder.
- **Copias de seguridad GEP:** Siempre realice un respaldo del archivo **GEP** original antes de editarlo. Esto asegurará que no se pierdan datos importantes si ocurre algún error durante la edición.
- **Almacenamiento de Resultados:** Asegúrese de almacenar el archivo **GEP** generado tras el análisis, ya que contienen resultados importantes.



### Problemas Comunes

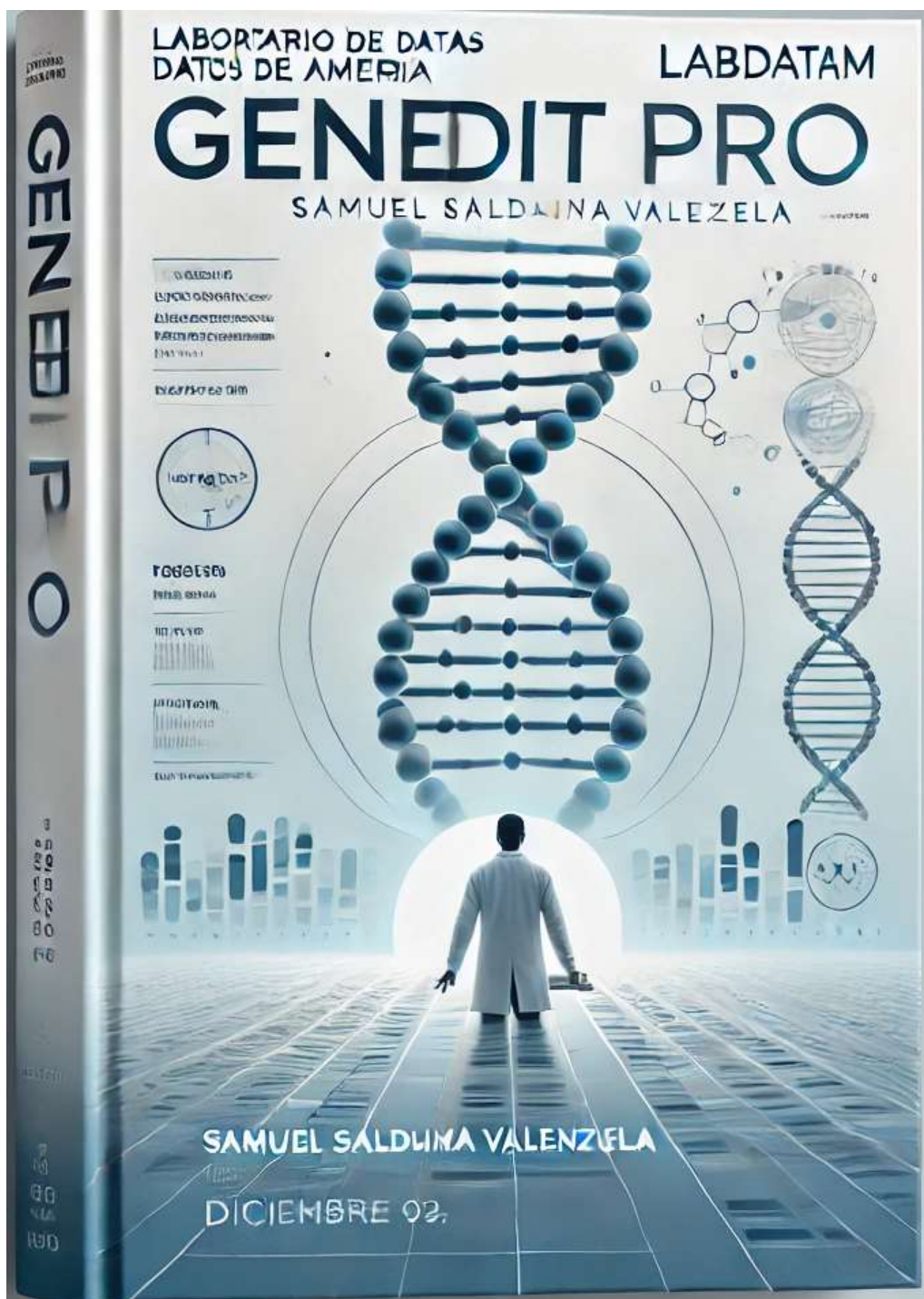
4. **Error al Cargar el Archivo GEP:** Si no puede cargar el archivo GEP, verifique que el archivo esté en el formato compatible ( .gep ) y que no esté dañado.
  - Si el archivo no se carga correctamente, asegúrese de que el archivo esté en el formato adecuado y no esté dañado.
5. **Errores de Validación de Datos:** Si el sistema detecta errores de validación al guardar los cambios, asegúrese de que todos los campos requeridos estén completos y que los valores sean válidos.
6. **Resultados Incorrectos en el Análisis:**
  - Si los resultados parecen incorrectos, verifique que las secuencias seleccionadas y los cálculos cuantitativos sean precisos.

### Consejos

- **Revisión Final:** Después de realizar cambios significativos, revise cuidadosamente todos los parámetros antes de guardar.
- **Backup Regular:** Realice copias de seguridad de los archivos GEP para evitar la pérdida de información.

# Manual do usuário do GenEditPro v. 1.0

Versão em português







# GenEditPro

---

**Editor:** Laboratório de Dados da América, LabDATAM

**Endereço Editorial:** Panamá

**Cidade, País:** Chiriquí, Panamá

**Data de publicação:** 09 de dezembro de 2024

## **Autores**

- Autor principal: Samuel Saldaña Valenzuela

## **Colaboradores ou equipes de trabalho**

- Editora: María Antonieta Villalobos Vindas
- Design da capa: Samuel Saldaña Valenzuela
- Equipe de Desenvolvimento: Samuel Saldaña Valenzuela e María Antonieta Villalobos

## **Data de publicação**

- Dezembro de 2024.

## **Número da edição**

- **Número da edição:** Primeira edição.

**ISBN e ISSN:** • ISSN: 2710-7701

## **Direitos autorais**

Direitos autorais (2024): Samuel Saldaña Valenzuela. Laboratório de Dados da América, LabDATAM. Todos os direitos reservados.

## **Informações de contato**

- **Endereço da Editora ou Instituição:** Panamá.
- **Site:** [www.labdatam.com](http://www.labdatam.com)
- **E-mail ou Telefone de Contato:** [director@labdatam.com](mailto:director@labdatam.com); [vice-diretor@labdatam.com](mailto:vice-diretor@labdatam.com)  
+507 66315973



## Manual do usuário: GenEditPro v. 1.0

Preparado pelo Laboratório de Dados da América, LabDATAM.com

Dezembro de 2024.

**GenEditPro** é uma ferramenta web avançada para edição, análise e visualização de dados genômicos. Este manual foi elaborado para orientar usuários de todos os níveis no uso eficiente de cada seção da plataforma.

### Introdução

**GenEditPro** é uma ferramenta avançada de edição e análise genética, projetada para facilitar a manipulação eficiente de sequências genéticas, realizar análises estatísticas e de aprendizado de máquina nos dados e gerar relatórios detalhados para tomada de decisões em pesquisas e projetos científicos.

A aplicação está estruturada em diversas áreas temáticas que abrangem funcionalidades essenciais para investigadores e profissionais de genética, nomeadamente:

7. **Edição Genética**
8. **Análise de dados**
9. **Geração de Relatório**

**GenEditPro** fornece uma interface intuitiva e acessível ao usuário, na qual ele pode fazer upload de arquivos de sequências genéticas, realizar diversas tarefas de análise e visualizar gráficos interativos que facilitam a interpretação dos resultados.

Ao longo deste manual serão detalhadas as funcionalidades e processos dentro de cada seção principal, começando pela configuração inicial, uploads de arquivos e as análises que podem ser realizadas. Além disso, o usuário será orientado sobre como interpretar os resultados, gerar relatórios e exportá-los em diversos formatos.

### Estrutura manual:

- **Índice (Introdução e navegação básica)**
- **GenEditPro (edição de sequência genética)**
- **Análise de Dados (Estatísticas e Aprendizado de Máquina)**
- **Relatórios (Geração e exportação de relatórios)**

## 1. Introdução à ferramenta GenEditPro

**GenEditPro** é uma ferramenta avançada desenvolvida para edição e análise de sequências genéticas, que permite aos usuários trabalhar com diversos formatos de arquivo como **BLAST**, **FASTA**, **JSON**, **CSV**, **TXT** e **GAL**, é um arquivo proprietário do **GEP**. Através deste aplicativo, os usuários podem fazer upload de seus arquivos, realizar análises estatísticas e de Machine Learning e gerar relatórios em formato PDF de forma eficiente.



### Estrutura do aplicativo:

O aplicativo está organizado em várias seções temáticas, incluindo:

- **Carregando arquivos com sequências:** O usuário possui uma fonte de dados de sequência que, após carregar em um editor, pode escolher seções ou fragmentos de sequência com o mouse em ambas as direções. Tanto da direita para a esquerda quanto vice-versa, neste mesmo sentido você pode utilizar a função para desmarcar o que está marcado ou destacado.
- **Edição de sequências genéticas :** Permite editar as sequências genéticas dos arquivos carregados.
- **Análise de dados :** Fornece ferramentas estatísticas e de aprendizado de máquina para interpretar dados genéticos.
- **Geração de relatórios :** Permite criar relatórios em formato PDF com base nas análises realizadas.

### Flujo de trabajo:

9. **Upload de archivo:** O usuário pode fazer upload de arquivos nos formatos **BLAST**, **FASTA**, **JSON**, **CSV**, **TXT** e **GAL** formatos. **GAL or Gene-A-Line** (Gene-Alignment and Purified e GAL, é um arquivo proprietário do GEP).

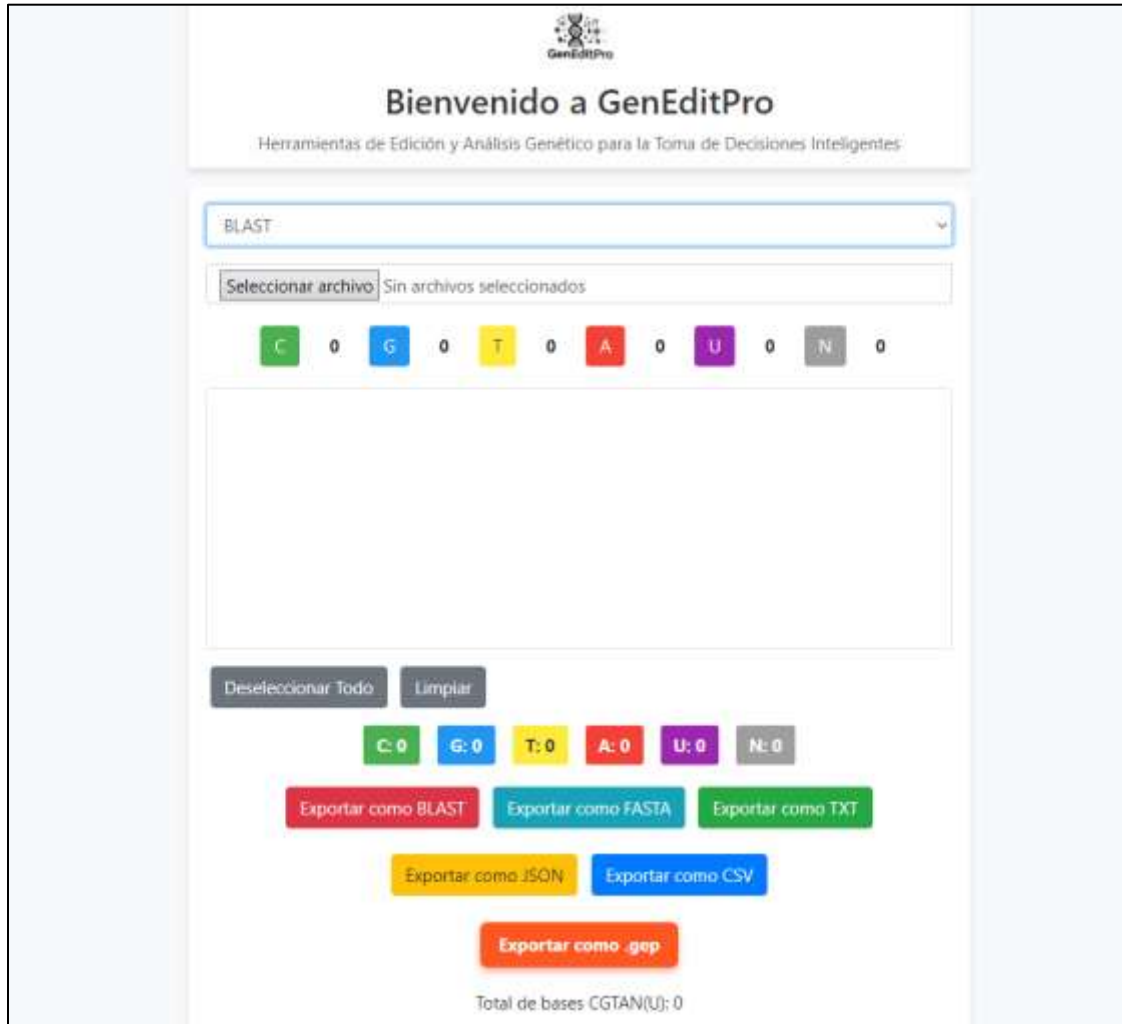
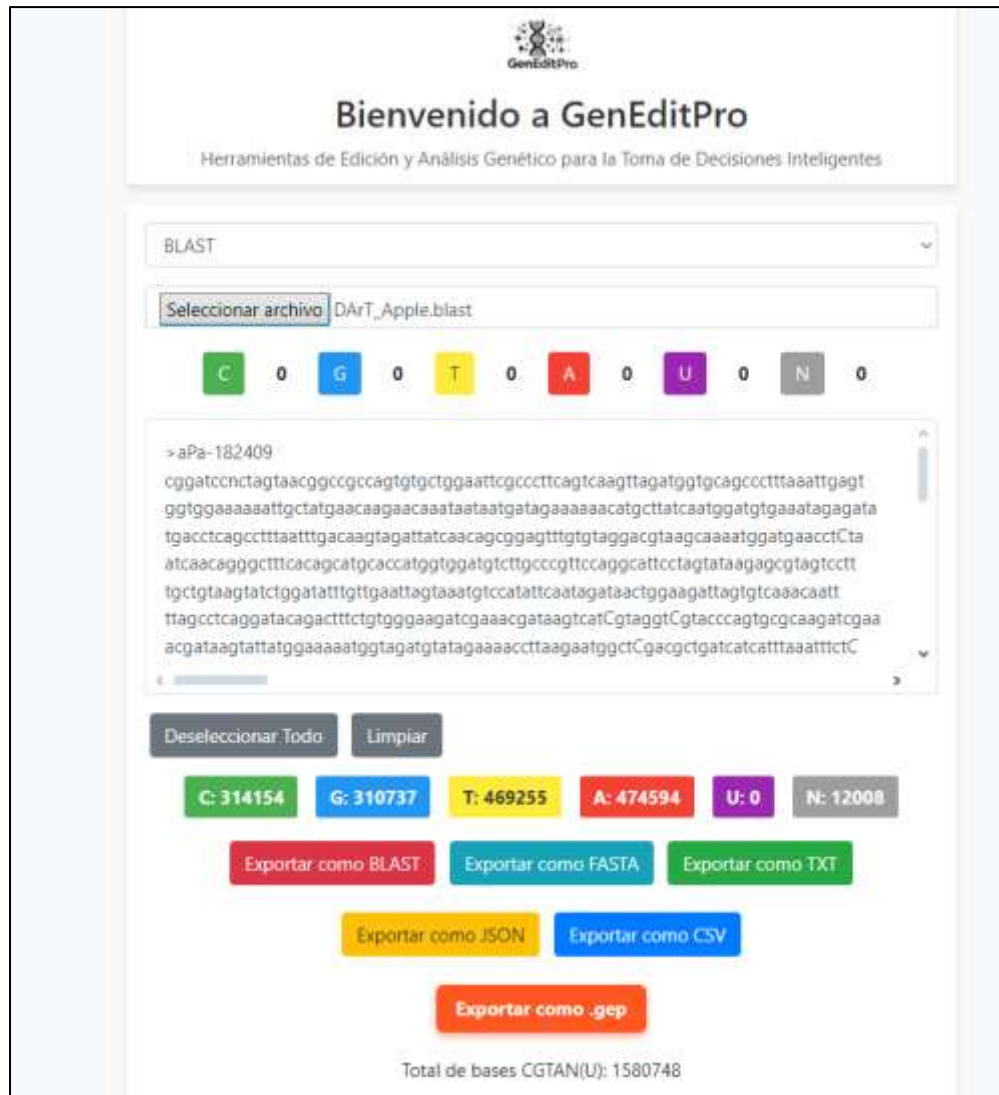


Figura 1. Upload de arquivos conforme formato de sequência.

10. **Edição de sequência:** Após o upload do arquivo, podem ser feitas edições nas sequências genéticas contidas no arquivo.



The screenshot displays the GenEditPro web interface. At the top, it says "Bienvenido a GenEditPro" and "Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes". Below this, there is a dropdown menu set to "BLAST" and a file selection field containing "DArT\_Apple.blast". A row of colored buttons represents nucleotide counts: C (0), G (0), T (0), A (0), U (0), and N (0). A text area shows a sequence starting with "> aPa-182409" followed by a long string of nucleotides. Below the text area are buttons for "Deseleccionar Todo" and "Limpiar". A summary row shows counts: C: 314154, G: 310737, T: 469255, A: 474594, U: 0, N: 12008. Below this are buttons for exporting the sequence: "Exportar como BLAST", "Exportar como FASTA", "Exportar como TXT", "Exportar como JSON", "Exportar como CSV", and "Exportar como .gcp". At the bottom, it states "Total de bases CGTAN(U): 1580748".

Figura 2. Edição de sequência.



Vista de Cálculos

### Metadata del archivo

**Fecha de Creación del Informe:** 2024-12-09 18:32:51

**Nombre del archivo cargado:** exported\_selection.gep

**Datos de GEP:**

Fecha de Creación del Informe: 12/07/2024, 18:28:37

Nombre del archivo cargado: sample.fasta.txt

**Totales originales:**

Total bases CGTAUN: 620

Desglose:

C: 143 G: 141 T: 155 A: 163 U: 12 N: 6

**Bases seleccionadas:**

Total: 256

Desglose:

C: 55 G: 61 T: 59 A: 69 U: 12 N: 0

**Secuencias:**

secuencia1: C: 11 G: 19 T: 11 A: 15 U: 4 N: 0  
secuencia2: C: 14 G: 15 T: 21 A: 10 U: 0 N: 0  
secuencia3: C: 13 G: 15 T: 12 A: 20 U: 0 N: 0  
secuencia4: C: 17 G: 10 T: 11 A: 22 U: 0 N: 0  
secuencia5: C: 0 G: 2 T: 0 A: 2 U: 0 N: 0  
secuencia6: C: 0 G: 0 T: 4 A: 0 U: 0 N: 0  
secuencia7: C: 0 G: 0 T: 0 A: 0 U: 8 N: 0

© 2024 LabDATAM. Todos los derechos reservados.

Figura 4. Metadatos e cálculos estadísticos e aprendizaje de máquina



12. **Geração de Relatório:** O usuário pode exportar os resultados da análise para um arquivo PDF.



Figura 5. Relatórios por técnicas e ferramentas de bioinformática.

### Considerações:

- Nenhum registro é necessário para usar o **GenEditPro**.
- A versão do aplicativo é gratuita e pode ser usada sem qualquer autenticação.

### Carregando e editando arquivos no GenEditPro

#### Descrição

GeneditPro é uma ferramenta especializada em **edição de sequências genéticas e gerenciamento** de arquivos GEP (Generation Process Entry) para análise quantitativa de sequências genéticas. Essa funcionalidade permite aos usuários modificar fontes de dados sequenciais e gerar arquivos GEP, ajustando as entradas do sistema com base nas necessidades específicas de processamento para processamento e análise matemática.

**GenEditPro** é uma ferramenta projetada para trabalhar com arquivos contendo sequências de bases de nucleotídeos, como **Fasta, Blast, JSON, CSV, TXT e GAL ou Gene-A-Line** (o arquivo Alignment e Purified é o arquivo do proprietário do GenEditPro). O aplicativo permite carregar esses arquivos, selecionar e desmarcar fragmentos de sequência e gerar relatórios quantitativos em bases de nucleotídeos. Além disso, é possível exportar os dados modificados para vários formatos de arquivo, incluindo **GEP** para análise posterior.

#### Funcionalidade Principal

- **Edição de arquivo de fluxo:** os usuários podem carregar e modificar dados de origem de arquivos BLAST, FASTA, JSON, CSV, TXT e **GAL**, facilitando a visualização e modificação dos dados contidos neles.





A partir do editor você pode usar o mouse (direita-esquerda e vice-versa) para selecionar/desmarcar fragmentos da sequência que serão destacados ou destacados para serem salvos em arquivos do tipo ou extensão **GEP** (GenEditPro: \*.gep), com o objetivo de preparar dados para seu posterior processamento ou análise. O sistema oferece uma interface intuitiva para edição de entradas com o mouse, sem a necessidade de manipular diretamente os arquivos fonte carregados.

- **Exportar de arquivos GEP:** A ferramenta permite exportar arquivos **GEP** com os botões abaixo, o tipo de **GEP** que é o proprietário aparece isolado. Este arquivo pode ser carregado na seção Análise da plataforma para realizar cálculos e gerar gráficos em Estatística Descritiva, Inferencial e Aprendizado de Máquina.
- **Parâmetros GEP:** Dentro dos arquivos **GEP**, os usuários poderão ver metadados como datas, valores numéricos como contagens totais de arquivos, totais por base de nucleotídeos, número total de nucleotídeos selecionados e a soma total destes. Com um único clique, o usuário pode utilizar esses dados em botões de cálculo e gráfico em estatística e Machine Learning.



## Seção 1: upload de arquivo

### 7. Acesse GenEditPro:

- Inicie o aplicativo e entre na interface principal.



Figura 6. Capa principal ( índice )

### 8. Selecione o arquivo para upload :

- No menu principal, clique no botão **Selecionar arquivo** .



Figura 7. Selecione o arquivo de origem do fluxo de dados.

- Uma caixa de diálogo aparecerá onde você pode selecionar o arquivo a ser carregado. Os formatos suportados são:

[www.geneditpro.com](http://www.geneditpro.com) + [www.labdatam.com](http://www.labdatam.com)

- **Rápido** ( . rápido )
  - **Explosão** ( .blast )
  - **JSON** ( .json )
  - **CSV** ( .csv )
  - **TXT** ( .txt )
  - **GAL** ( .gal )
- Clique em **Abrir** para carregar o arquivo selecionado.

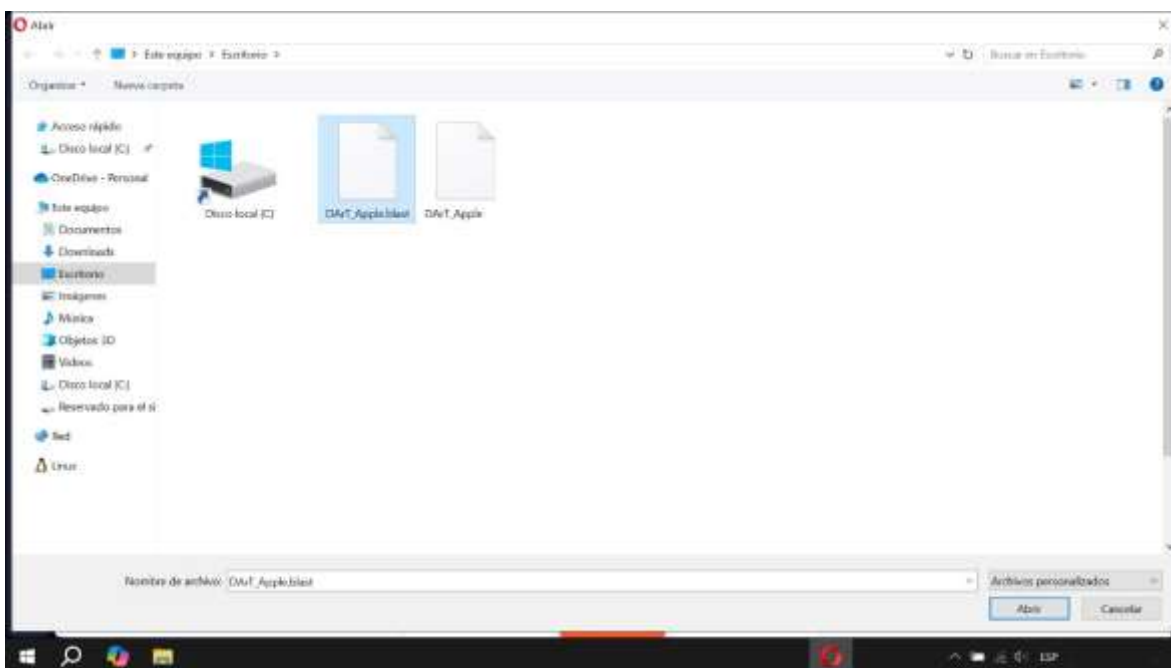


Figura 8. Abra a caixa de diálogo do Windows e selecione o arquivo de sequência.

#### 9. Verificação do arquivo carregado:

- Após o upload do arquivo, a interface exibirá o conteúdo do arquivo em uma área de exibição. Certifique-se de que as sequências de nucleotídeos estejam corretas antes de prosseguir com a edição.



## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo DArT\_Apple.blast

C 0 G 0 T 0 A 0 U 0 N 0

>aPa-182409

```
cggatccnctagtaacggccgagtgctgctggaattcgcccttcagtcgaagtaggtagcagcccttaaattgagt
ggtgaaaaaattgctatgaacaagaacaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatggaatagagata
tgacctcagccttaattgacaagtagattatcaacagcggagtttgtaggacgtaagcaaatggatgaacctCta
atcaacagggcttcacagcatgcaccatggtggatgcttgcccgtccaggcattcctagtataagagcgtagctctt
tgctgtaagtatctggatattgtgaattagtaaatgtccatattcaatagataactggaagattagtcaacaatt
ttagcctcaggatacagacttctgtggaagatcgaaacgataagtcatCgtaggCgtaccagtgcgcaagatcgaa
acgataagtattatgaaaaatgtagatgtatagaaaacctaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC
```

Deseleccionar Todo

Limpiar

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

Exportar como BLAST

Exportar como FASTA

Exportar como TXT

Exportar como JSON

Exportar como CSV

Exportar como .gep

editor GenEditPro .

## Seção 2: Edição de Sequência

### 7. Seleção de fragmentos:

- Para **selecionar** fragmentos da sequência, clique e arraste com o **mouse da direita para a esquerda** (ou vice-versa).
- Mantendo o clique pressionado, você pode selecionar os fragmentos de base de nucleotídeos desejados.



Figura 10. Seleção de fragmentos de sequência no editor. Direção de seleção com o mouse da direita para a esquerda ou vice-versa.

GenEditPro Ir al Inicio GenEditPro Análisis de Datos Reportes Español

## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo DArT\_Apple.blast

C 15 G 10 T 12 A 24 U 0 N 1

```
> aPa-182409
cggatccnctagtaacggccgcagtggtggaattcgccctcagtcaggttagatggtgcagcccttaaattgagt
ggtggaaaaaattgctatgaacaaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgtaaatagagata
tgacctcagccttaattgacaagtagattatcaacagcggagtttgtaggacgtaagcaaatggatgaacctCta
atcaacagggtttcacagcctgcacatggtggatgtcttgccgttccaggcattcctagataagagcgtagtcctt
tgctgtaagtatcggatattgtgaattagtaaatgtccatattcaatagataactggaagattagtgcaacaatt
ttagcctcaggatacagacttctgtgggaagatcgaacgataagtcacgtaggtCgtaccagtgcgcaagatcgaa
acgataagtattatggaaaaatggtagatgatagaaaacctaaagaatggctCgacgctgatcatcatttaatttctC
```

Deseleccionar Todo Limpiar

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT

Exportar como JSON Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Figura 11. Fragmento seleccionado. Os números são acumulados, todos os contadores de seleção são atualizados.

## 8. Deseleção de fragmento:

- Para **desmarcar** uma parte da sequência previamente selecionada, clique e arraste com o **mouse** da **esquerda para a direita**.



GenEditPro Ir al Inicio GenEditPro Análisis de Datos Reportes Español

Bienvenido a GenEditPro  
Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo: DArT\_Apple.blast

C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1

> aPa-182409  
cggatccnctagtaacggcgcagtgctggaatlogccctcagtcagttagatggtgcagcccttaattgagt  
gggggaaaaattgctatgaaacaagaacaaataaataatgatagaaaaacagcttatcaatggatgaaatagata  
tgacctcagccttaattgacaagtagattatcaacagcggagtttggtaggacgtaagcaaatggatgaacctCa  
atcaacagggctttcacagcagcaccatggtggtgctctgcccgtccaggcattcctagtataagcgtagctctt  
tgctgtaagtatcggatattgtaattagtaaatgccatattcaatagataactggaagattagtgcaacaatt  
ttagctcaggatacagactttcgtgggaagatcgaacgataagtcCgtaggtCgtaccagtcgcaagatcga  
acgataagattatggaaaaatggtagatgfatagaaaaccttaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC

Deseleccionar Todo Limpiar

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT

Exportar como JSON Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Figura 12. Marque para desmarcar fragmentos de sequência no editor. Direção de seleção com o mouse da direita para a esquerda ou vice-versa.

GenEditPro | Ir al Inicio | GenEditPro | Análisis de Datos | Reportes | Español

## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo: DAiT\_Apple.blast

C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1

```

Pa-182409
ggatccnctagtaacggccagtgctggaattcgccctcagtcaggttagatgggtgcagcccttaasattgagt
ggggaaaaaattgctatgaecaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgaaatagagata
fgacctcagccttaattfgacaagtagattatcaacagcggagtttgttaggaagcaaaatggatgaacctCta
atcaacagggtttcacagcatgcacatggtggatgcttgcctccgctccaggcattcctagtataagagcgtagtcctf
fgctgtaagtaactggatattggtgaattagtaaatgccaatccaatagataactggaagattagtgcaacaatt
ttagcctcaggatacagactttctgtgggaagatgaaacgataagtcCtaggtCgtaccagtgccgaagatcgaa
acgataagattatgaaaaatgtagatgtatagaaaaccttaagaatgctCgacgctgatcatcattaaattctC
    
```

Deseleccionar Todo | Limpiar

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

Exportar como BLAST | Exportar como FASTA | Exportar como TXT

Exportar como JSON | Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Figura 13. Fragmento desmarcado e figuras descontadas das bases por seleção.





## 9. Cálculo Quantitativo :

- **GenEditPro mostrará o total de bases de nucleotídeos** em tempo real :
  - **Upload total:** número total de bases de nucleotídeos no arquivo carregado.
  - **Total por base de nucleotídeo:** Divisão por tipo de base (C, G, T, A, U e N=Neutral).
  - **Total por bases nucleotídicas selecionadas:** Decomposição quantitativa das bases nucleotídicas nos fragmentos selecionados.

Esses cálculos serão realizados automaticamente conforme o usuário seleciona e desmarca as sequências.



GenEditPro

## Bienvenido a GenEditPro

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes

BLAST

Seleccionar archivo DAR\_Apple.blast

C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1

aPa-182409  
cggatccnctagtaacggccgccagtggtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagcccttaaatgagt  
ggtggaaaaaattgctatgaacaagaacaaataaatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgtgaaatagagata  
tgacctcagccttaattgacaagtagattcaacacgaggtttgttaggacgtaagcaaaatggatgaacctCta  
atcaacagggtttcacagcatgcacctggtgatgtcttgcctgtccaggcattcctagtataagagcgtagtcctt  
tgctgtaagatctggatattgtgaattagtaaatgtccatattcaatagataactggaagattagtcaaaacaatt  
ttagcctcaggatacagactttctgtgggaagatcgaaacgataagtcCgtaggtCgtaccagtgcgcaagatcgaa  
acgataagtattatggaaaaatggtagatgtatagaaaaccttaagaatggctCgacgctgatcatcattaaatttctC

Deseleccionar Todo Limpiar

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT

Exportar como JSON Exportar como CSV

Exportar como .gcp

Total de bases CGTAN(U): 1580748

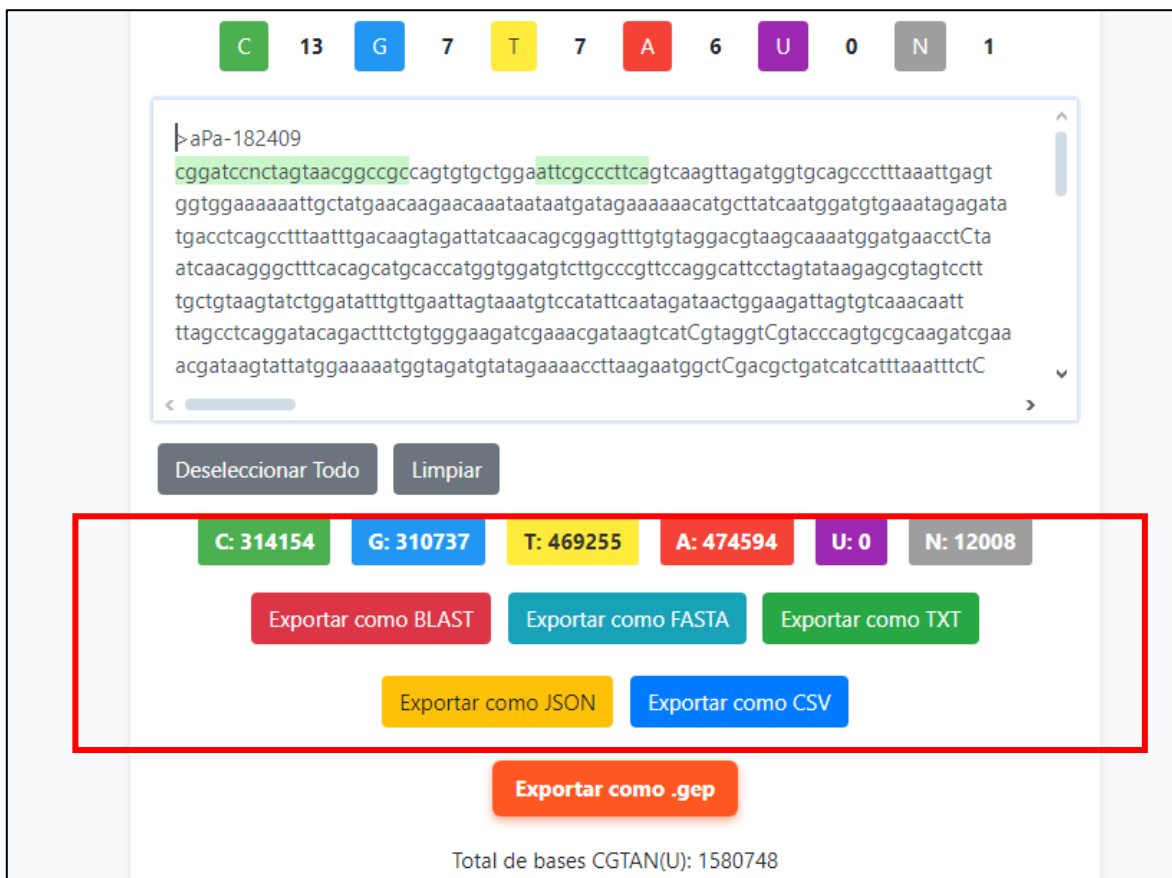
Figura 14. Contagens totais de seqüências após upload do arquivo, totais de seqüências por base de nucleotídeos. E, total por bases nucleicas selecionadas.

### Seção 3: Exportação de Arquivo

Depois de editar e selecionar as sequências desejadas, você pode exportar os dados modificados para os seguintes formatos:

#### 7. Exportar para formatos diversos:

- No menu de exportação, clique em **Exportar**.
- Você será solicitado a escolher o formato no qual deseja exportar:
  - **BLAST** ( .blast )
  - **FASTA** ( .fasta )
  - **JSON** ( .json )
  - **CSV** ( .csv )
  - **TXT** ( .txt )
  - **GEP** ( .gep ), para uso posterior na fase de análise.



The screenshot displays the GenEditPro interface with a sequence editor. At the top, a sequence composition bar shows: C: 13, G: 7, T: 7, A: 6, U: 0, N: 1. Below this is a text area containing a DNA sequence starting with 'aPa-182409'. Underneath the text area are two buttons: 'Deseleccionar Todo' and 'Limpiar'. A red box highlights the export options: 'Exportar como BLAST', 'Exportar como FASTA', 'Exportar como TXT', 'Exportar como JSON', 'Exportar como CSV', and 'Exportar como .gep'. Below these buttons, a status bar indicates 'Total de bases CGTAN(U): 1580748'.



Figura 15. Botões de exportação de dados nos formatos: Blast , Fasta, TXT, JSON e CSV. Além disso, os arquivos JSON, CSV e **GEP** contêm as sequências e figuras selecionadas.

#### 8. Geração de arquivo :

- Após selecionar o formato, GenEditPro irá gerar o arquivo correspondente e oferecer a opção de **salvar** o arquivo em seu dispositivo.

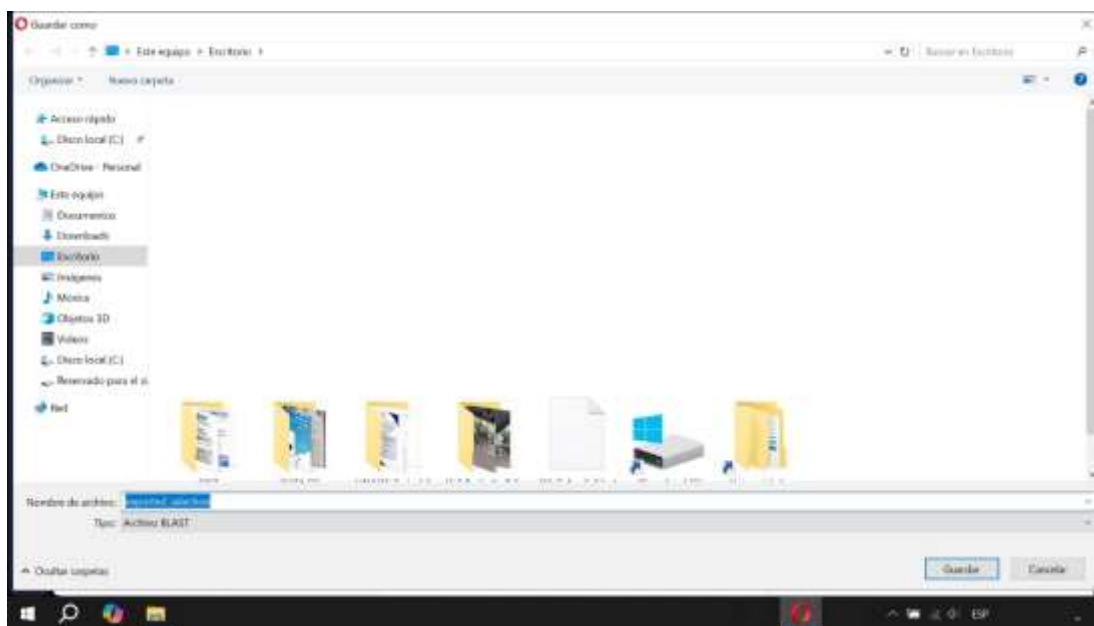


Figura 16. Arquivo para exportação no formato BLAST.

```
exponed_seleccion.blast: Bloc de notas
Archivo Edición Formato Ver Ayuda
cggatcncctagtaacggcgcg
attgcocctca
```

Figura 17. Conteúdo das sequências selecionadas. Vale lembrar que apenas JSON, CSV e **GEP** salvam figuras, mas este último contém metadados.

```
exponed_seleccion: Bloc de notas
Archivo Edición Formato Ver Ayuda
Descripción,C,G,T,A,U,N
"Total en Original",314154,318737,469255,474594,8,12008
"Total Seleccionado",13,7,7,6,0,1
"Secuencia Seleccionada",,,,,,"cggatcncctagtaacggcgcg
attgcocctca"
```

Figura 18. Conteúdo CSV, contém figuras e também JSON.



```
exported_selection.gpo Bloq de notas
Archivo Edición Formato Ver Ayuda
# Metadata:
Fecha: 2024-12-09 14:12:26
Nombre del archivo original: DAt_Apple.blast
Total de bases CGTAM en original: 1580748
C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 N: 12008 U: 0
Total de bases seleccionadas: 34
C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 N: 1 U: 0

# Secuencias:
>secuencial
C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0
cggatcncctgtaacgpcgpc
>secuencia2
C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 N: 0 U: 0
attgcgcttca
```

Figura 19. Conteúdo do GEP, contém figuras e metadados.

## 9. Verificação e Confirmação:

- Verifique o arquivo exportado para garantir que os dados foram exportados com sucesso no formato escolhido.

### Considerações importantes

- **Formato de arquivo:** certifique-se de que o arquivo que você está enviando seja um dos formatos suportados (FASTA, BLAST, JSON, CSV, TXT). Se o arquivo não estiver no formato correto, GenEditPro irá notificá-lo sobre um erro.
- **Backup de arquivos:** Recomenda-se fazer cópias de backup dos arquivos antes de fazer modificações importantes para evitar perda de dados.
- **Precisão da seleção:** Ao selecionar fragmentos de sequência, certifique-se de marcar corretamente as regiões de interesse para obter cálculos precisos.
- **Segurança:** Se os arquivos contiverem informações confidenciais ou dados importantes, tome as medidas de segurança adequadas para proteger os arquivos e as informações neles contidas.

## Problemas comuns

5. **Erro de upload de arquivo:** se o GenEditPro não puder carregar o arquivo, certifique-se de que o arquivo esteja no formato adequado e não esteja corrompido.
6. **Selecionando cálculos quantitativos:** domine o tópico dos cálculos desejados para agregar valor ao seu relatório, verifique se as seleções de sequência são precisas e se o arquivo carregado contém os dados esperados.

## 2. Análise de arquivos GEP

### Descrição Geral

Arquivo **GEP (Gene Edit Pro)** é gerado após a edição das sequências de nucleotídeos usando **GenEditPro** . Esta **fase de Análise** visa processar o arquivo **GEP** para obter insights relevantes sobre as sequências e realizar análises quantitativas mais complexas.

### Procedimento para manipular um arquivo GEP

9. **Acesso ao módulo de seleção:**
  - o Entre no módulo **GEP File Editing** no menu principal do GenditPro.

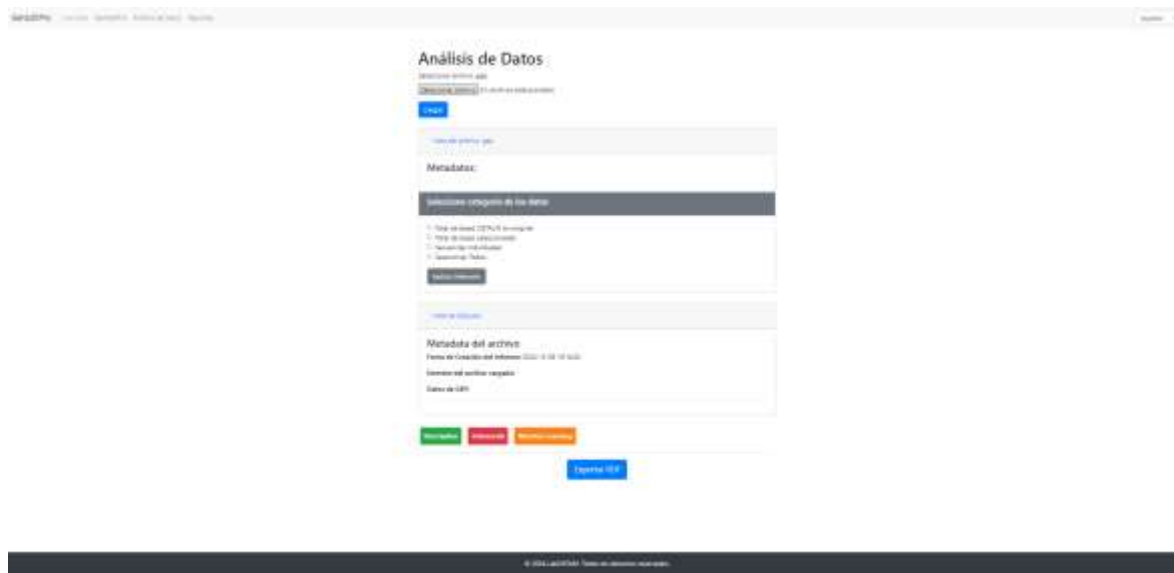


Figura 20. Módulo ou seção de análise.

## 10. Carregamento de arquivo GEP:

- Clique no botão **Upload** e selecione o arquivo GEP do seu dispositivo.
- O sistema exibirá o conteúdo do arquivo GEP na interface de metadados.

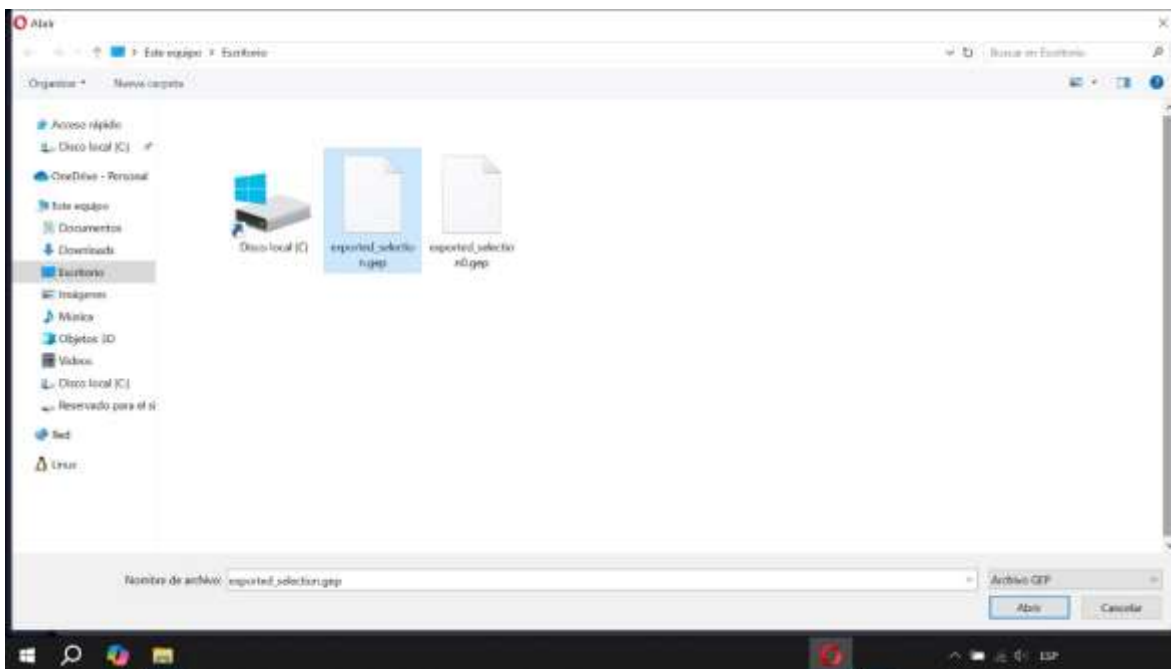


Figura 21. Abrindo ou carregando o arquivo GEP.



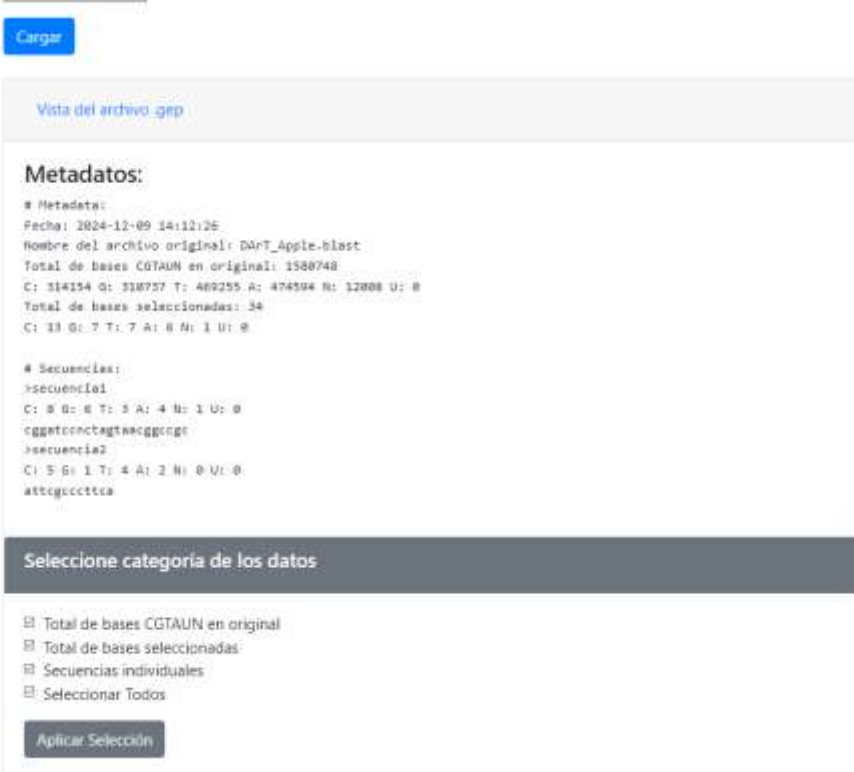
Figura 22. Pressione o botão azul Upload, os dados GEP serão vistos no painel de metadados.





## 11. Selección de datos:

- Una vez cargado o archivo, los valores podrán ser visualizados, ahora los parámetros deseados deben ser seleccionados.
- Usted puede seleccionar datos por categoría después de seleccionar con “verificación”, lista de verificación, agrupamiento o ganchos de lista.
- Presione el botón Aplicar Selección, los datos del GEP serán cargados.



Cargar

Vista del archivo .gcp

**Metadatos:**

# Metadatos:  
Fecha: 2024-12-09 14:12:26  
Nombre del archivo original: DArT\_Apple-blast  
Total de bases CGTAUN en original: 1580748  
C: 314154 G: 318757 T: 489255 A: 474594 N: 12008 U: 0  
Total de bases seleccionadas: 34  
C: 13 G: 7 T: 7 A: 8 N: 1 U: 0

# Secuencias:  
>secuencia1  
C: 0 G: 0 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0  
cggtccnctagttaacggcgr  
>secuencia2  
C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 N: 0 U: 0  
attcgccctca

**Selección categoría de los datos**

- Total de bases CGTAUN en original
- Total de bases seleccionadas
- Secuencias individuales
- Seleccionar Todos

Aplicar Selección

Figura 24. Seleccione la categoría de datos usando check , Checklist, comparación o ganchos.

## 12. Aplicar selección :

- Após fazer suas modificações, clique em **Salvar** para atualizar o arquivo GEP.
- O arquivo modificado será salvo em seu local original ou em um novo local, dependendo da sua seleção.



Aplicar Selección

Vista de Cálculos

### Metadata del archivo

**Fecha de Creación del Informe:** 2024-12-09 19:22:17

**Nombre del archivo cargado:** exported\_selection.gep

#### Datos de GEP:

Fecha de Creación del Informe: 12/09/2024, 14:12:26

Nombre del archivo cargado: DArT\_Apple.blast

#### Totales originales:

Total bases CGTAUN: 1580748

Desglose:

C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

#### Bases seleccionadas:

Total: 34

Desglose:

C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1

#### Secuencias:

secuencia1: C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1

secuencia2: C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0

Figura 25. Pressione o botão Aplicar seleção para carregar os metadados selecionados.



### Recursos adicionais

- **Pré-visualização:** GenditPro permite que você tenha uma prévia no painel de cálculos antes de gerar o relatório, garantindo que os parâmetros selecionados estão corretos.
- **Validação de dados:** O sistema valida as entradas do arquivo GEP para evitar erros nos dados. Caso seja detectada alguma inconsistência, o sistema alertará o usuário.

## Resumo

### Seção 1: upload de arquivo GEP

7. **Acesse a Seção de Análise:**
  - No menu principal, clique na opção **Análise**.
8. **Selecione o arquivo GEP:**
  - arquivo **GEP gerado anteriormente**.
  - Na caixa de diálogo de seleção, localize e selecione o **arquivo GEP** em seu dispositivo e clique em **Abrir**.
9. **Verificação de arquivo :**
  - Após o upload do arquivo, o aplicativo exibirá as informações contidas no GEP. Verifique se os dados estão corretos e se não há erros no upload.

### Seção 2: Processamento de dados do arquivo GEP

9. **Visualização de dados :**
  - Assim que o arquivo GEP for carregado, os dados da sequência serão organizados para análise.
  - O sistema mostrará as **bases nucleotídicas**, sua **frequência** e as **seqüências selecionadas** na fase anterior.



The screenshot displays the 'Metadata del archivo' section of the application. It includes the following information:

- Fecha de Creación del Informe:** 2024-12-09 19:22:17
- Nombre del archivo cargado:** reportes\_selecciongep
- Datos de GEP:**
  - Fecha de Creación del Informe: 11/09/2024 14:12:26
  - Nombre del archivo cargado: DWI\_Apote.Mat
- Totales originales:**
  - Total bases COTAM: 136074E
- Digloze:**
  - C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12068
- Bases seleccionadas:**
  - Total: 34
  - Digloze: C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 3
- Secuencias:**
  - secuencia1: C: 2 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 3
  - secuencia2: C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0

At the bottom of the panel, there are three buttons: 'Descriptiva' (green), 'Inferencial' (red), and 'Máquina de Aprendizaje' (orange). A red arrow points to these buttons. Below them is a blue 'Exportar PDF' button. At the very bottom, a dark bar contains the copyright notice: '© 2024 LabDATAM. Todos los derechos reservados.'

Figura 26. Metadatos no painel de cálculos, estão disponíveis os botões de estatísticas Descritiva, Inferencial e de Aprendizado de Máquina para aplicação dos cálculos.

## 10. Cálculos Cuantitativos:

- Os dados tratados a partir do GEP permitirão a realização de análises quantitativas mais complexas, tais como:
  - Distribuição das bases nucleotídicas:** Mostra a quantidade de C, G, T, A, U, N nas sequências.
  - Frequência das sequências selecionadas:** quantas vezes uma sequência ou padrão específico aparece no arquivo.
  - Análise dos fragmentos selecionados:** Quantificação dos fragmentos selecionados em comparação com o arquivo total.



Fecha de Creación del Informe: 12/09/2024, 14:12:26  
Nombre del archivo cargado: DArT\_Apple.blast

**Totales originales:**  
Total bases CGTAUN: 1580748

Desglose:  
C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008

**Bases seleccionadas:**  
Total: 34

Desglose:  
C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1

**Secuencias:**  
secuencia1: C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1  
secuencia2: C: 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0

Descriptiva Inferencial Machine Learning

Media Moda Mediana Min Max Quantile 25 Quantile 50 Quantile 75

Generar Gráfico

Figura 27. Selección de estadísticas (descriptivas).



© 2024 LabDATAM. Todos los derechos reservados.

Figura 28. Aplicação da média estatística às categorias de dados: dados de sequência total, sequência total por base de nucleotídeos. Total de bases de nucleotídeos selecionadas, total geral de bases selecionadas.

### ESTADÍSTICA DESCRIPTIVA

#### Totales

Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
263458.00	0, 12008, 310737, 314154, 469255, 474594	312445.50	0.00	474594.00			
Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75					
12008.00	314154.00	469255.00					

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	314154.00	314154	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00	314154.00
G	310737.00	310737	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00	310737.00
T	469255.00	469255	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00	469255.00
A	474594.00	474594	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00	474594.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	12008.00	12008	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00	12008.00

#### Seleccionados

Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
5.67	7	6.50	0.00	13.00	1.00	7.00	7.00

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	13.00	13	13.00	13.00	13.00	13.00	13.00	13.00
G	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00
T	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00	7.00
A	6.00	6	6.00	6.00	6.00	6.00	6.00	6.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	1.00	1	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00

#### Secuencias

Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
2.83	0	2.50	0.00	8.00	1.00	3.00	5.00

Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
C	6.50	5, 8	6.50	5.00	8.00	5.00	8.00	8.00
G	3.50	1, 6	3.50	1.00	6.00	1.00	6.00	6.00
T	3.50	3, 4	3.50	3.00	4.00	3.00	4.00	4.00
A	3.00	2, 4	3.00	2.00	4.00	2.00	4.00	4.00
U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00	1.00	1.00

Descriptiva
Inferencial
Machine Learning

Media
Moda
Mediana
Min
Max
Quantile 25
Quantile 50
Quantile 75

Generar Gráfico

Exportar PDF

© 2024 LabDATAM. Todos los derechos reservados.

Figura 29. Aplicação de estatísticas (descritivas) às categorias de dados: dados de sequência total, sequência total por base de nucleotídeos. Total de bases de nucleotídeos selecionadas, total geral de bases selecionadas.



## 11. Geração de gráficos :

- Os resultados da análise podem ser representados graficamente. Por exemplo:
  - Gráficos de barras** : para mostrar a distribuição dos nucleotídeos no arquivo.
  - Gráficos de linha** : Para ilustrar a frequência de ocorrência de sequências específicas.



Figura 30. Gerar gráficos: Barras, Linhas, Pizza, Dispersão e Seleccionar todas as opções.



Figura 31. Seleção de gráficos de barras e pizza ou pizza.

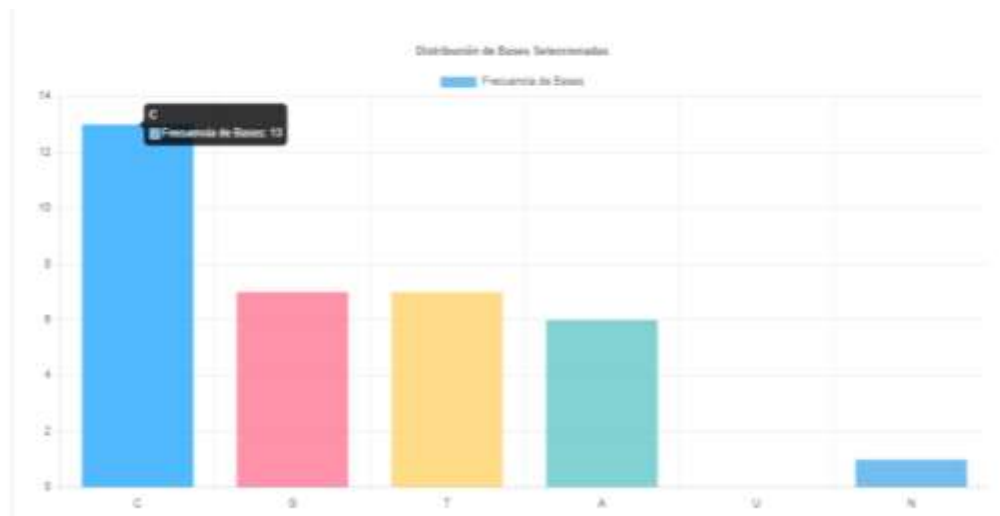


Figura 32. Exemplo de gráfico de barras (estático ou dinâmico).

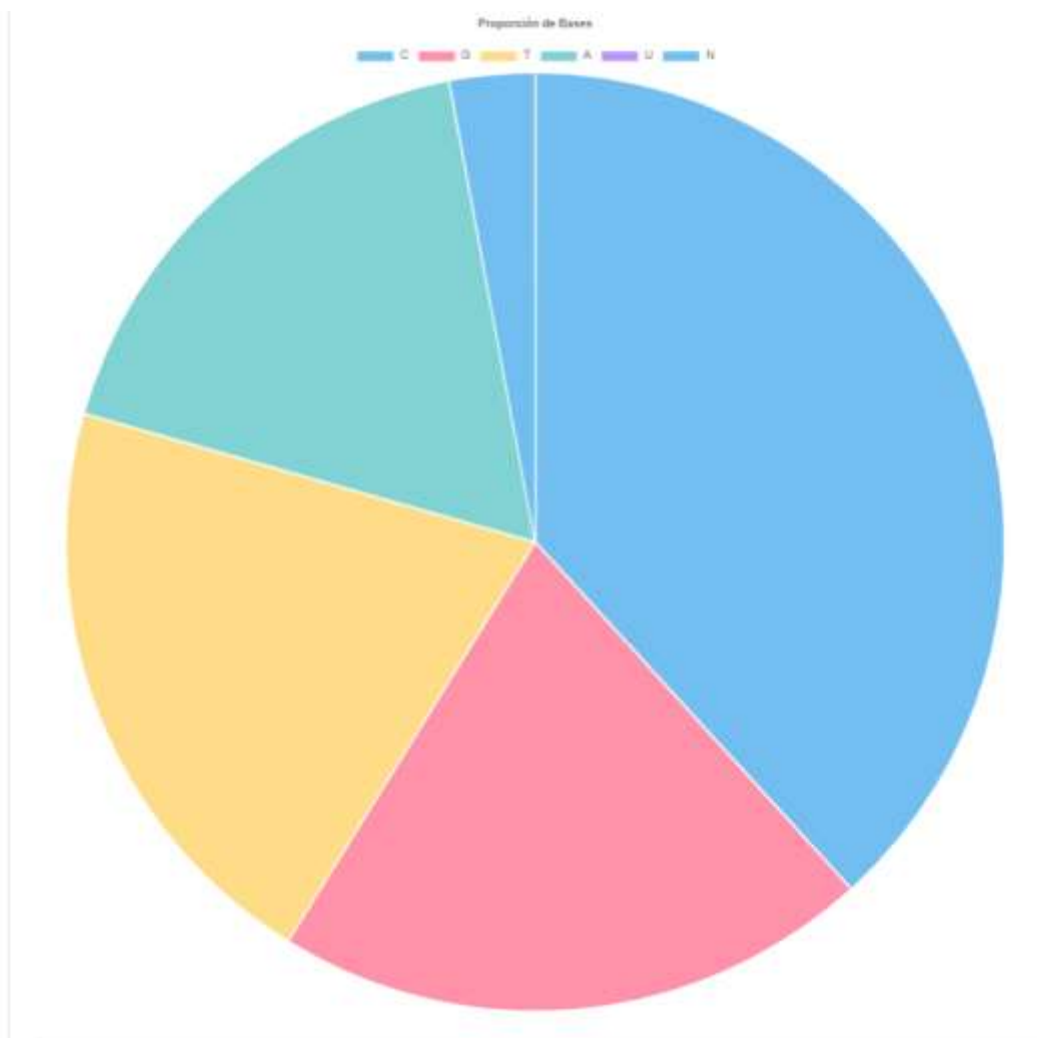


Figura 33. Exemplo de gráfico de pizza, pizza ou pizza.

## 12. Análise Comparativa:

- **GenEditPro** também permitirá realizar uma análise comparativa entre diferentes fragmentos ou sequências do **arquivo GEP**, fornecendo estatísticas como média, moda, mediana, min, max, Q25, Q50, Q75, complementadas com os gráficos acima mencionados.



Figura 34. Gráficos e tabelas comparativos.

### Seção 3: Exportação de Resultados

#### 5. Geração de relatório:

- Após realizar a análise, os resultados podem ser exportados em diversos formatos.
- Na opção **Exportar resultados**, pressione o único botão PDF existente:
  - **PDF**: Gere um relatório com gráficos e análises em formato para impressão.

#### 6. Resultados de exportação:

- Ao abrir uma janela de diálogo, você será solicitado a escolher um local para salvar o arquivo exportado. Escolha o local desejado e clique em **Salvar**.

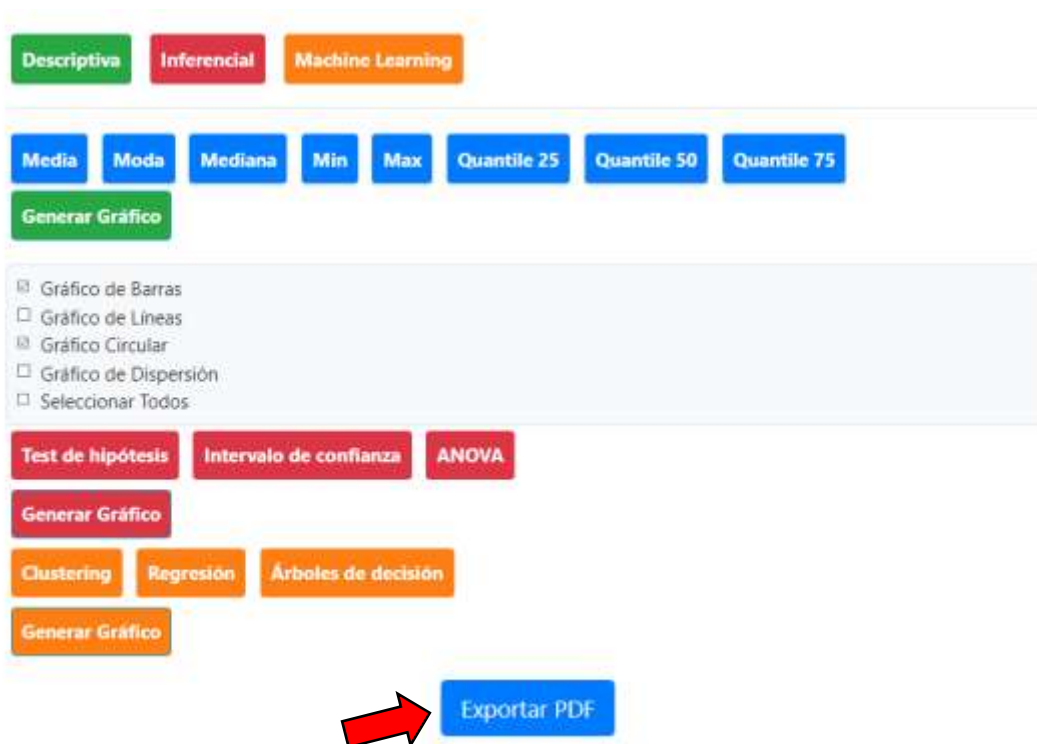


Figura 35. Botão azul para exportar cálculos e gráficos para arquivo PDF.



## Seção 4: Visualização de dados

### 5. Interface de visualização de dados:

- Na seção Análise, após carregar o arquivo **GEP**, você poderá visualizar em um painel os metadados, os fragmentos selecionados por bases, totais globais, etc.
- No painel de cálculos você pode ver os resultados da escolha dos diferentes tipos de cálculos, sejam descritivos, inferenciais ou de Machine Learning, para avaliá-los com seus objetivos.

### 6. Análise de mutações ou variantes:

- A partir de uma abordagem quantitativa e qualitativa, você pode verificar se o arquivo contém mutações ou variantes nas sequências, GenEditPro oferecerá ferramentas para identificar essas diferenças, calcular suas frequências e validar comportamentos entre cada nucleotídeo ou base proteica.

## Considerações importantes

- **Formato do arquivo GEP:** Certifique-se de que o arquivo **GEP** esteja no formato correto antes de carregá-lo no sistema, o manuseio inadequado pode causar erros nos resultados. O formato de arquivo incorreto pode causar problemas na edição e pós-processamento de dados ou na precisão dos cálculos.
- **Tamanho do arquivo GEP:** Na verdade este tópico corresponde ao carregamento da sequência, arquivos muito grandes carregados no **GenEditPro** podem alterar o comportamento normal, arquivos grandes podem demorar um pouco mais para carregar e processar. Observe que o arquivo **GEP** é um resumo quantitativo e de metadados que geralmente será pequeno ou moderadamente pequeno, dependendo do número de fragmentos de sequência que você escolheu.
- **Precisão dos cálculos:** Os resultados da análise são tão precisos quanto os dados do arquivo **GEP**. Certifique-se de que a edição das sequências foi feita corretamente antes de continuar.
- **Backups GEP:** Sempre faça um backup do arquivo **GEP** original antes de editá-lo. Isso garantirá que nenhum dado importante seja perdido caso ocorra algum erro durante a edição.
- **Salvando Resultados:** Certifique-se de armazenar o arquivo **GEP** gerado após a análise, pois eles contêm resultados importantes.



### Problemas comuns

7. **Erro ao carregar o arquivo GEP:** Se você não conseguir carregar o arquivo GEP, verifique se o arquivo está no formato suportado ( .gep ) e se não está corrompido.
  - Se o upload do arquivo não for correto, certifique-se de que o arquivo esteja no formato adequado e não esteja corrompido.
8. **Erros de validação de dados:** Se o sistema detectar erros de validação ao salvar as alterações, certifique-se de que todos os campos obrigatórios estejam preenchidos e que os valores sejam válidos.
9. **Resultados de análise incorretos:**
  - Se os resultados parecerem incorretos, verifique se as sequências selecionadas e os cálculos quantitativos são precisos.

### Pontas

- **Revisão Final:** Depois de fazer alterações significativas, revise cuidadosamente todos os parâmetros antes de salvar.
- **Backup regular:** faça cópias de backup dos arquivos GEP para evitar perda de dados.