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
- Email or contact phone number: director@labdatam.com; 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.

	Welco Tools for Ef	me to GenE	EditPro g and Analysis	
	LabDATAM Go to GenEtil/Pro No	cisolid Analysia Services Information	- GarifatiPro - Manazonaans - Morra	•
Gene-A-Line Advanced tool for genetic assuration alignment and comparison.	Go to GenEditPro Access the tool to add nucleotide base sequences.	Control of the contro	GenaditProt-ein Specialized loois for protein sequences environs and adding.	Protein Analysis Advanced tools for protein equence analysis
	620	24 LabDATAM. Todos kis demotion read	erviados.	

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 Aligment and Purified file is GenEditPro owner file).

GenEd(1910	
Bienvenido a GenEditPro	
Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Intelige	ntes
BLAST	-
Seleccionar archivo Sin archivos seleccionados	
C 0 G 0 T 0 A 0 U 0 M	0
Deseleccionar Todo Limpiar	
C:0 G:0 T:0 A:0 U:0 NE0	
Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT	
Exportar como JSON Exportar como CSV	
Exportar como .gop	
Total de bases CGTAN(U): 0	

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.

Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteliger BLAST Seleccionar archivo DArT_Apple.blast	ntes
BLAST Seleccionar archivo DArT_Apple.blast	
BLAST Seleccionar archivo DArT_Apple.blast	
Seleccionar archivo DArT_Apple.blast	
C 0 G 0 T 0 🗚 0 💟 0 Ň	
	0
> drd - 102403	
cygarcenciagiaacygecgecagigigeiggaarregecerragieaagriagaiggigeageerraaarrga	h.
dinidosesenini managereadaereseninemeninemenini managerenini marenenini managerenini marenenini marenenini mare	110
tgaccicageettiaattigacaagtagattateaacageggagtitgigtaggaegtaageaaaatggatgaaeette	
ansasagggcinicacagrangcaccanggriggingicitigeergineeaggcaneeragianaagagegnagieen	2
tgctgtaagtatctggatattigttgaattagtaaatgiccatattcaatagataactggaagattagtgtcaaacaatt	
nagoricalgatacagarincigigggaagatcgaaaggataagicarcgaaggicggaccaagigcgcaagaro	yaa
acitarealiarreniñaeseeniñireneñeseercrreeñeeniñicrchechciderrerreerreearricr	t _2
C	3
Deseleccionar logo	
	10000
C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12	008
Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT	
	-
Exportar como JSON Exportar como CSV	
Exportar como JSON Exportar como CSV	
Exportar como JSON Exportar como CSV	

Figure 2. Sequence editing.





3. **Data Analysis**: Uploaded and edited data can be analyzed using statistical and machine learning tools.



Figure 3. GEP file upload.





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.bct	
Totales originales:	
Total bases CGTAUN: 620	
Desglose:	
G: 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 I: 11 A: 22 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

GenditPro 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 Aligment+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.

	Tools for Eff	icient Genetic Sequence Editing	and Analysis	
	LabDATAM Go to GenEdilPro No	ciestid Analysia Servicas Information	Garentino Manatuman Mora	•
Gene-A-Line Advanced tool for genetic assignment and comparison.	Go to GenEdilPro Access the tool to edit nucleotide base sequences.	Nucleotid Analysis Perform statistical and Machine Learning analyses on your data.	GeneditProt-ein Specialized tools for protein sequence analysis and adding.	Protein Analysis Advanced todis for protein sequence analysis
Go Is Gera-A-Line	Go to GanEd8Pm	Go to Nucleotid Analysis	Go to General Prot	Go to Protein Analysis

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:





- 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.





GenEditPro	Ir al Inicio GenEditPr	o Análisis de Datos	Reportes	Español	~
		GenEditPro			
	Bienvenid	o a GenEdi	tPro		
Herramientas	de Edición y Análisis Ge	nético para la Toma d	le Decisione	es Inteligente	s
BLAST					~
Seleccionar archive	DArT_Apple.blast				
С 0	G 0 T	0 <mark>A</mark> 0	U O	N 0	
> aDa_192400					^
cggatccnctagtaacg	gccgccagtgtgctggaattc	gcccttcagtcaagttagatg	ggtgcagccct	ttaaattgagt	
ggtggaaaaaattgcta tgacctcagcctttaattt	tgaacaagaacaaataataat qacaaqtaqattatcaacaqc	gatagaaaaaacatgcttat qqaqtttqtqtqqqacqta	caatggatgtg agcaaaatgg	gaaatagagata atgaacctCta	
atcaacagggctttcaca	agcatgcaccatggtggatgt	ttgcccgttccaggcattcc	tagtataagag	cgtagtcctt	
ttagcctcaggatacag	attigtigaattagtaaatgtcc actttctgtgggaagatcgaaa	atattcaatagataactgga cgataagtcatCgtaggtC	agattagtgtc Igtacccagtg	aaacaatt cgcaagatcgaa	а
acgataagtattatgga	aaaatggtagatgtatagaaa	accttaagaatggctCgaco	gctgatcatcat	ttaaatttctC	v
					>
Deseleccionar Tode	D Limpiar				
C: 314154	G: 310737 T: 46	9255 A: 474594	U: 0	N: 1200	8
Exportar		rtar.como.FASTA	Exportar co	omo TXT	
Exporta			Exportar co		
	Exportar como JSC	N Exportar com	o CSV		
	Even				
	Expor	tar 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.

7 A 6	6 gtcaagttagat ssaactgctta gtgtaggacgta	5 U. I tagatggtocag gottatcaatgga jacgtaagciaaai	0 N	N 1
7 A 6	6	5 U. 4	o International Internationae	N 1
accetticag(cang)	gicaagttagat aanaa ggtaggacgta gtgtaggacgta	ttagatggtgcag gcttatcaatgga jacgtaagcaaaa	tgcagccctttaa atggatgtgaaat caaaatggatgai	maaatipagt
accetticagic sagi patagas sasa dat pdagittetetes	gtcaagttagat generalgetta gtgtaggacgta ttccaggcattee	ttagatggtgcag gcttatcaatgga jacgtaagcaaaa	tgcagccctttaa atggatgtgaaat caaaatggatgaa	maaatigagt
accentragicangi palagananancal popagittotgingon	igtcaagttagat aaaadatggctta gtgtaggacgta ttccaggcattco	ttagatggtgcag gcttatcaatgga jacgtaagcaaaa	tgcagccctttaa atggatgtgaaat caaaatggatga	maaattigagt
patagaaaaaacat ooaotttototooo	gtgtaggacgta ttccagocatto	gcttatcaatgga jacgtaagcaaaa	atggatgtgaaat caaautggatgaa	nastanarata
odautttgtgtagga	gtgtaggacgta ftccagocattco	acgtaagcaaaa	caaautggatgal	and the second
	ttccagocattco			atgaacctCta
ttoccottocagoo		Cattoctagiataa	gtataagagcgta	ocgtagtoctt
atattcaatagataa	itagataactigga	ectogaagattag	attagtgtcaaac	aaacaatt
cgataagtcatCgt	tcatCgtaggti	taggtCgtaccca	tacccagtgcgca	cgcaagatcgaa
reconsidentifides	paatggctCgac	tCgacgctgatca	tgatcatcatttaai	maaamet
eccrading dis	aatggctCgac	tCgacgctgatca	lgatcatcatttaai	III.ooarimciiC >
ttgo atatt cgat	icai aag	cogniccago icaatagata iaagtcatCg	cogiticcaggicattocta iceatagataactggaag aagtoatCgtaggtCgt	nttigtigtaggacgtaagcaaaiitgg cogttocaggcattoctagtataaga; icaatagataactggaagattagtgto iaagtoatCgtaggtCgtacccagtg

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 ~
GenEditPro
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
cggatccnctagtaacggccgccagtgtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagccctttaaattgagt ggtggaaaaaattgctatgaacaagaacaataatagtagaaaaaacatgcttatcaatggatgtgaaatagagata tgacctcagcctttaatttgacaagtagattatcaacagcggagtttgtgtaggacgtaagcaaaatggatgaacctCta atcaacagggctttcacagcatgcaccatggtggatgcttgcccgttccaggcattcctagtataagagcgtagtcctt tgctgtaagtatctggatatttgttgaattagtaaatgtccatattcaatagataactggaagattagtgcaacaatt ttagcctcaggcattcctgtgggaagatcgaaacgataagtcatCgtaggtCgtacccagtgcgcaagatcgaa acgataagtattatggaaaatggtagatgtatagaaaaccttaagaatggctCgacgctgatcatttaaatttctC
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 .gep

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.







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.







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.

C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1
> aPa-182409 cggatccnctagtaacggccgccagtgtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagccctttaaattgagt ggtggaaaaaattgctatgaacaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgtgaaatagagata tgacctcagcctttaatttgacaagtagattaccaacgggggtttgtgtaggacgtaagcaaaatggatgaacctCta atcaacagggctttcacagcatgcaccatggtggatgtccttgcccgttccaggcattcctagtataagagcgtagtcctt tgctgtaagtatctggatatttgtgaaatagtaaatgccatattcaatggatgg
Deseleccionar Todo Limpiar
Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT
Exportar como JSON Exportar como CSV Exportar como .gep
Total de bases CGTAN(U): 1580748

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.

🔐 exported selection blast. Soc de rester			– p ×
Active Libber Furnato. Ve Ayada cggatecnetagtaacggeege attegreettea			
1		Inter Contenent Conten	-
	D		

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





we not sket is for ear or A we have
been taken is former we have
been

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



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.

And the second property formation of the second		1000 P
	Análisis de Datos	
	Construction of the Constr	
	Metadotoc:	
	terminane company de las desa	
	 Operational (1994) to ensure the Strength that a requirement Strength that a requirement Strength that and Strength that and Str	
	Natadata dal artinen Tuen di Castone di Interne III. Il 10 11 11. Internetto di artico aggitto Internetto di Unite aggitto	
	(Shown real.)	

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.

O Alas	×
👳 🔅 🗉 🕈 📕 🕨 Eale equipe 🔻 Eanfanie	∀ 0 hour infantion
Organisa * Nerve carpite	E • 13 0
 Access régéde Corolleur (C) Corolleur Forman Interseques Dosanvertes Dosanvertes	
Nombre de ambleo: espected selectorupsp	• Active GP •
	Abry Cancela
= o 💿 =	1 • • • • • • • • • • • • • • • • • • •

Figure 21. Opening or loading the GEP file.

réditro same mante man	binn Augusta	kuutt -
	Análisis de Datos Secondo entre app Secondo entre app	
	Vita er prime pre Metadatos:	
	Setercione categoria de los datos	
	Time de rivee COTarte en ongenet Time de pare COTarte en ongenet Time de pare selectemente Secondant autointature Secondant autointature Secondant autointature	

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





GerEdtPip I is take the limit of hum in high the		light -
	Análisis de Datos Internet active pre Telecolar active de constante	
	with the series of the	
	Metadatos: * pisars: trans.com/out.ac/com/ trans.com/out.ac/com/ trans.com/out.ac/com/ com/out.ac/com/ com/out.ac/com/ com/out.ac/com/ c	
	Seleccione categoria de los datos.	
	C Turial Int States (TITWIP) on original	
	© 2591 Juli Off All Totas in chemism reservation	

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.

Visia del archivol gep	
Metadatos:	
# Metadata:	
Fecha: 2024-12-09 14:12:26	
Nombre del archivo original: DArT_Apple.blast	
rotal de Deles CUTAUN en driginal: 1568748	
Total de bases seleccionadas: 34	
C: 13 G: 7 T: 7 A: 8 N: 1 U: 0	
a Second and	
rsecuenciai	
C: 0 0: 0 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0	
cggetconctegtwecggoogt	
>secuencia2	
CI 5 6I 1 TI 4 AI 2 NI 8 VI 8	
attegeocttea	
Solorriano estadoria da lor dator	
seleccione categoria de los datos	
El Total de bases (CGTA) IN en original	
E Total de bases seleccionadas	
E Secuenciat individuales	
D. Calculation Taking	

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





4. Apply Selection:

- o 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.



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. www.geneditpro.com + www.labdatam.com





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.

Desglose:	31AUN: 1360746			
C 314154	G: 310737 T: 469255	A: 474594 U: 0	N: 12008	
Bases sele	ccionadas:			
Total: 34				
Desglose:				
C: 13 G: 7	T:7 A:6 U:0	N: 1		
Secuencia	5.			
secuencia1: 0 secuencia2: 0	: 8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1 : 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0			
	Bernard Barres	and the second second		

Figure 27. Selection of statistics (descriptive).





Tota	iles	Selec	cionados	Secu	encias
Mi 26	edia 3458:00	Med 5.67	la	Mec 2.83	fia
Base	e Media	Base	Media	Base	Media
с	314154.00	с	13.00	с	6.50
G	310737.00	G	7.00	G	3,50
т	469255.00	T	7.00	τ	3.50
A	474594.00	A	6.00	A	3.00
U	0.00	U	0.00	υ	0.00
N	12008.00	N	1.00	N	0.50
Descriptiva	nferencial Machine Mediana Min	Learning Max Quantii	e 25 Quantile 50	Quantile 75	

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

- CENT		M	oda	0727 214154	460355	47450	Med	iana	Min	Max	04.00	
2004	58.00	υ,	12008, 31	10737, 314154	, 409255	, 47459	1 3124	45.50	0.00	4745	94.00	
Qua 1200	ntile 2)8.00	25 (Quantile 314154.0(50 Quant 0 46925	tile 75 5.00							
ase	Med	ia	Moda	Mediana	Min	N	lax	Quan	tile 25	Quanti	le 50	Quantile 75
	3141	54.00	314154	314154.00	314154	.00 3	14154.00	31419	54.00	314154	.00	314154.00
	3107	37.00	310737	310737.00	310737	.00 3	10737.00	31073	\$7.00	310737	.00	310737.00
	4092	55.00	409255	409255.00	409255	.00 4	9255.00	40925	55.00	409255	.00	409255.00
	4/45	94.00	4/4594	474594.00	4/4594	4	4594.00	4/455	4.00	4/4594		474594.00
	0.00	0.00	10000	0.00	1000		00	1000		12022		10000
	1200	8.00	12008	12008.00	12008.	0 1.	2008.00	12008	5.00	12008.0	00	12008.00
S	elecc	ionac	los									
	Medi	ia N	Noda	Mediana	Min	Max	Quant	ile 25	Quar	ntile 50	Qui	antile 75
	5.67	7	·	6.50	0.00	13.00	1.00		7.00		7.00	D
E	Base	Media	a Mod	a Mediana	Min	Max	Quant	ile 25	Quan	tile 50	Qua	ntile 75
(13.00	13	13.00	13.00	13.00	13.00		13.00		13.00	D
(5	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00		7.00		7.00	
1	г	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00		7.00		7.00	
1	A	6.00	6	6.00	6.00	6.00	6.00		6.00		6.00	
ι	J	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00		0.00		0.00	
1	N	1.00	1	1.00	1.00	1.00	1.00		1.00		1.00	
S	ecue	encias										
	Med	ia I	Moda	Mediana	Min	Max	Quanti	le 25	Quan	tile 50	Qua	antile 75
	2.83	C	D	2.50	0.00	8.00	1.00		3.00		5.00)
1	Base	Medi	a Mod	la Mediana	a Min	Max	Quantil	e 25	Quant	ile 50	Quar	itile 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	
1	г	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	

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.

and a second second	 _	

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

Descriptiva Infer	encial	Machine L	earning			
Media Moda I	Mediana	Min	Max Qua	intile 25	Quantile 50	Quantile 75
Generar Gráfico						
Gráfico de Barras						
Gráfico de Líneas						
Gráfico de Dispersió	n					
Seleccionar Todos						

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.

Med 2.83	lia Mo	oda M	fediana .50	Min 0.00	Max 8.00	Quantile 25	Quantile 50 3.00	Quantile 75 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
т	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
		0.4	0.50	0.00	1.00	0.00	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.30	Datriave	ión de Basi	n Seleccionadas	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	Datelloc	1.00	is Seleccionadas ua de Beses	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	Datritice	1.00	ns Seleccionadas	1.00	1.00
N	0.50	U, 1	0.50	Datritue	1.00	ns Seleccionadas ua te Sener		
N	0.50	U, 1	0.50	Datitive	1.00	is Seleccionadas ua de Tenes		
N	0.50	U, 1	0.50	Datitive	1.00	is Selecciónadas		






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**.

Descriptiva	Inferencial	Machine Learn	ing			
Media Me	oda Mediana	Min Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75	
Gráfico de l Gráfico de l Gráfico de l Gráfico Circ Gráfico de l Seleccionar	Barras Líneas cular Dispersión ' Todos					
Test de hipót Generar Gráf	tesis Interval fico	o de confianza	ANOVA			
Clustering Generar Graf	Regresión	Árboles de decisio	bn .			
			Exportar Pl	DF		

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
- Correo Electrónico o Teléfono de contacto: director@labdatam.com; 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.

	Bienve Herramientas de Edición y	nido a Gen Análisis Genético pars la Torre	EditPro a de Decisiones Inteligentes	
	abDATAM Is a ConEdiPhy Analisis	de Nachedlikter, Servicies, Informació	in Gerfühlen - Manut usaans - Idoe	
Z	C	<u>₩</u>	N	<u>.</u>
Gene-A-Line	Ir a GenEditPro	Análisis de Nucleótidos	GeneditProt-einas	Analisis de Proteinas
Herramienta avanzada para alineamiento y comparación de secuencias genéticas.	Accede a la herramienta para editar seconcias bases nucleotídicas.	Realiza anàlisis estatilaticos y de machine learning sobre tos datos.	Herramientas especializadas para análisis y edición de socuencias proteicas.	Herramientas avanzadas para análisis de secuencias proteícas.
-	The second se	Ir a Arabian do	10100-0-8020	Ir a Analism de

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 Aligment).

Herram	Bi iientas de Edi	enven	ido a G	enEditF a la Toma de D	Pro Decisiones Inte	ligentes	
_						2011	
BLAST							~
Seleccionar	archivo Sin	archivos sele	sccionados				
c	0 G	0 T	0 A	0 U	0 N	0	
			-				
Deseleccion	ur Todó	Limplar					
Deseleccion	wr Todó C 0	Limplat	T:0 A:	0 U; 0	N: 0		
Deseleccion	nar Todo C: 0	Limpiar G: 0	T: 0 A:	U: O	N: 0	XT	
Deseleccion	nar Todo C 0 sportar como	Limplar G: 0 BLAST	T: 0 A: Exportar como	D U: O FASTA Exp	N <u>:</u> 0 portar como T	XT	
Deseleccion	nar Todo C: 9 sportar como	Limplar G:0 BLAST	T: 0 A: Exportar como	PU: 0 FASTA Exp portar como C	N: 0 portar como T SV	XT	

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.

	D	lonvoni	de a C	on Edit	Dro	
	D	enveni	uo a G	encan	PIO	
Herrar	nientas de Ed	ición y Anàlisis	s Genético para	a la Toma de	Decisiones In	iteligentes
BLAST						
Selecciona	r archivo DAr	rT_Apple.blast				
C	0 G	0 T	0 A	0	•	N 0
DS - 1004	100					
eggateenet ggtggaaaa tgaceteage atcaacagg loctotaagt	tagtaacggccgo aattgctatgaac ctttaatttgacaa gctttcacagcatg alctnoatatttot	ccagtgtgctgga aagaacaaataal igtagattatcaac ycaccatggtgga toaattactaaal	attogcocttoagte taatgatagaaaa agoggagtttgtg tgtottgooogtto	caagttagatgg aacatgcttatca taggacgtaag caggcattccta	tgcagcoctttaa atggatgtgaa caaaatggatga gtataagagcgt attaolotcaaa	aattgagt atagagata aacctCta lagtcctt
eggateenet ggtggaaaa tgaceteage ateaacagg tgetgtaagt ttageeteag acgataagta	tagtaacggccgu aattgctatgaac ctttaatttgacaa gctttcacagcats atctggatatttgt gatacagactttc ittatggaaaaats	ccagtgtgctgga caagaacaaataal igtagattatcaac jcaccatggtgga tgaattagtaaat ggtgggaagatcg jgtagatgtatag	attogcosticagie taatgatagaaaa agoggagttigtg itgtottgoccogtic glocatattoaatas gaaacgataagto aaaaccttaagaa	caagttagatigg aacatgcttatce taggacgtaag caggcattccta gataactggaag atCgtaggtCg tggctCgacgc	tgcagcoctttaa atggatgtgaaa caaaatggatga gtataagagcgt attagtgtcaaa acccagtgcgc igatcatcatttaa	sattgagt atagagata aacctCta lagtoctt icsatt aagatogaa aatttotC
oggatocnot ggtggaaaa tgacotcago atcaacagg tgotgtaagt ttagootcag acgataagta Deseleccio	agtaacggccgr aattgctatgaac ctttaattgacaa gcttcacagcatg atctggatatttgt gatacagactttci ittatggaaaaatg	ccagtgtgctgga caagaacaaataal igtagattatcaac jcaccatggtgga tgaattagtaaat gtggggaagatcg ggtagatgtatag	attogcottoagi taatgatagaaaa agoggagttigtg itgtottgocogtto gtocatattoaatag gaaacgataagto aaaacottaagaa	caagttagatgg aacatgcttatcz taggacgtaag caggcattccta jataactggaag atCgtaggtCg tggctCgacgc	tgcagcoctttaa atggatgtgaax caaaatggatgs gtataagagogt attagtgtcaaa acccagtgcgc igatcatcatttaa	sattgagt atagagata aacctCta Wgtoctt icaatt aagatogaa aatttotC
cggatcenet ggtggaaaa tgacetcage atcaacaggo tgetgtaagt ttageetcag acgataagtz Deseleccio	agtaacggccgu aattgctatgaac cetttaatttgacaa gettteacagcatg atctggatatttgt gatacagactttc sttatggaaaaatg nar Todo	ccagtgtgtgtgga caagaacaaataal agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaato ggtagatgtatag ggtagatgtatag Limpiar	attogcoettoagte taatgatagaaaaa agoggagtttigtg etgtottgoccogtto glocatattoaatag jaaaogataagto aaaacottaagaa	caagttagatgg aacatgcttatca taggacgtaag caggcattccta gataactggaag atCgtaggtCg tggctCgacgc Ac 474594	tgcagcoctttaa atggatgtgaaa caaaatggatga gtataagagcgt aattagtgtcaaa cacccagtgcgc igatcatcatttaa	sattgagt atagagata aacctCta lagtoctt aagatogaa aattictC N: 12008
oggatcenet ggtggaaaa tgaceteage ateaacagg tgetgtaagt ttageeteag acgataagta Deseleccio	aatigctatgaac aatigctatgaac cetttaattigacaa getticacageati atetggatattigt gatacagaettee ittatggaaaaati nan Todio 154 G: 3 xportar como	ccagtgtgctgga caagaacaaataal agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtagaat ggggagatgtatag Limpiar 10737 T BLAST E	attogcotticagie taatgatagaaaa agoggagtttgg igtottgocogtio gtocatattoaatag gaaaogataagto aaaacottaagaa : 469255	caagttagatgg aacatgcttatca taggacgtaag caggcattccta jataactggaag ntCgtaggtCg tggctCgacgc A: 474594 FASTA E	tgcagcoctttaa atggatgtgaaa caaaatggatga gtataagagcgt attagtgtcaaa acccagtgcgc igatcatcatttaa U: 0	sattgagt atagagata aacctCta tagtoctt icaatt aagatogaa aatttetC N2 12008
cggatcenet ggtggaaaa tgacetcage atcaacagge tgetgtaagt ttageetcag acgataagta Cc: 314	agtaacggccgu aattgctatgaac cetttaatttgacaa gettteacageats atctggatatttgt gatacagacttte mar Todo 154 G: 3 biportar.como	ccagtgtgctgga caagaacaaataal agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaato gggtagatgtatag Limpiar Linpjar BLAST E Suportar como	attogooottoagte taatgatagaaaaa agoggagtttigtg etgtottgooogtto glocatattoaatag gaaaogataagto aaaacottaagaa : 469255 Xportar como	caagttagatigg aacatgcttatca taggacgtaag caggcattccta gataactggaag etCgtaggtCg tggctCgacgc A: 474594 FASTA E	tgcagcoctttaa atggatgtgaaa caaaatggatga ptataggagcgt iattagtgtcaaa iacccagtgcgc igatcatcatttaa U: 0	sattgagt atagagata aacctCta lagtoctt iccaatt aagatogaa aattictC N: 12008
cggatcenet ggtggaaaa tgaceteage ateaacaggi tgetgtaagt tfageeteag acgataagta Deseleccio	iagtaacggccgu iagtaacggccgu iaattgctatgaac cetttaatttgacaa gettteaettgacatt gatacagacttc ittatggaaaaatg nar Todio 154 G; 3 Cxportar como	ccagtgtgctgga aagaacaaataal agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaat ggtagatgtatag ggtagatgtatag sto737 T BLAST E xportar como	attogoootticagte taatgatagaaaaa agoggagtttigtg etgtottgoocogte glocatattoaatao gaaacgataagto aaaacottaagaa xportar.como uSON En portar.como	saagttagatigg sacatgettatez taggaegtaag caggeetteeta jataaetggaag stCgtaggtCg tggetCgaege A: 474594 FASTA E portar como gep	tgcagcoctttaa atggatgtgaaa caaaatggatga ptataagagcgt attagtgtcaaa acccagtgcgc tgatcatcatttaa U: 0	eattgagt atagagata aacctCta lagtoctt caatt aagatogaa aatttotC N: 12008

Figura 2. Edición de secuencias.





7. **Análisis de datos**: Los datos cargados y editados se pueden analizar utilizando herramientas estadísticas y de Machine Learning.



Figura 3. Carga de archivo GEP.





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.bit	
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	
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.

GenEdithro	Automotic Conduction	the analog of beau	Aspertal.	mang *
	Reportes			
	kitagen Filospenetika Availan Silaemitan Wei alkenita da Silaemi Silaemita da Second			
	© 2014 Lat/S404A. Nokia ko dostata murriaka.			

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

GenditPro 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 Aligment 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.

	Herramientas de Edición y	Análisis Genético para la Torna	de Decisiones Intelligentes	
	abDATAM is a GenEidtPro Analisio	de Naciedidas. Servicios. Informació	n GatEdPor, Minurusianis, Idon	e -
Z	C .	L~*	**	<u>b</u>
Gene-A-Line	Ir a GenEditPro	Análisis de Nucleótidos	GeneditProt-einas	Análisis de Proteinas
Herramienta avanzada para alineamiento y comparación de secuencias genéticas.	Accede a la herramienta para editar secondas bases nucleotidicas.	Realiza anàlisis satatisticos y de machine learning sobre tue datos.	Herramientas espectalizadas para análisis y edición de socuencias proteícas.	Herramientas avanzadas para análisis de secuencias proteícae.
		te a Arabian de	and the second se	Ir ir Anklan de

Figura 6. Portada principal (index)

- 5. Seleccionar archivo para cargar:
 - Desde el menú principal, haga clic en el botón Seleccionar archivo.





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





- 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 GenEo	litPro Anális	is de Datos	Reportes	Español	~
		GenEditPro				
	Bienven	ido a G	enEdi	tPro		
Herramientas	de Edición y Análisi	s Genético pa	ra la Toma de	e Decisione	s Inteligente	es
BLAST						~
Seleccionar archiv	o DArT_Apple.blast					
C 0	G O T	0 A	0	U O	N 0	
>aPa-182409 cggatccnctagtaaco ggtggaaaaaattgcta tgacctcagcctttaatt atcaacagggctttcac tgctgtaagtatctgga ttagcctcaggatacag acgataagtattatgga	ggccgccagtgtgtgctgga atgaacaagaacaaataa tgacaagtagattatcaac agcatgcaccatggtgga tatttgttgaattagtaaat actttctgtgggaagatc aaaatggtagatgtatag	attcgcccttcag taatgatagaaaa agcggagtttgt atgtcttgcccgtt gtccatattcaata gaaacgataagto aaaaccttaagaa	tcaagttagatg aacatgcttato gtaggacgtaa ccaggcattcct gataactggaa catCgtaggtCg atggctCgacg	igtgcagccct caatggatgt <u>c</u> gcaaaatgga agtataagag agattagtgtc gtacccagtgo ctgatcatcat	ttaaattgagt gaaatagagat atgaacctCta icgtagtcctt aaacaatt cgcaagatcga ttaaatttctC	a na >
Deseleccionar Tod C: 314154	o Limpiar G: 310737 T	: 469255	A: 474594	U: 0	N: 1200)8
Exportar	como BLAST	xportar como	FASTA	Exportar co	omo TXT	
	Exportar como	JSON	cportar como	o CSV		
	Б	portar 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.

Selecciona	r archivo D	ArT_Apple.blas	đ				
C	13 G	7 1	7	6	U. 0	N	1
>aPa-1824	109						
cggatcenet	tagtaacggco	ocagtgtgctgg	adflogccetto	gtcaagttag	atggtgcage	comeasity	rgeç
99199888	saattigctatigaa	icaagaacaaata	ataalgatagaa	sasacalget	tatcaatggat	gtgaaatag	agata
tgacctcago	octiteacaoca	lagtagattatcaa tocaccatoritor	kagcggagttt	gtgtaggacg	taagcaaaut	ggatgaactt	5C.1.8
igctotaagt	atciggatatti	attagtaaa	itgtccatattca	stagataactg	gaagattagt	gtcaaacaat	π
ttagoctcag	gatacagactti	ctgtggggaagate	cgaaacgataa	gtcatCgtagg	Cgtacccag	ptgcgcaaga	rtcgaa
acgataagti	ettatggaaaaa	tggtagatgtata	gaaaaccttaag	paatogetCgr	regetgateat	cattlaaatti	ctC
							>

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 ~	
GenEditPro	
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 cggatccnctagtaacggccgccagtgtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagccctttaaattgagt ggtggaaaaaattgctatgaacaagaacaataatagtagaaaaaacatgcttatcaatggatgtgaaatagagata tgacctcagcctttaatttgacaagtagattatcaacagcggagtttgtgtaggacgtaagcaaaatggatgaacctCta atcaacagggctttccacgccatggtggatgtcttgcccgttccaggcattcctagtatagaggcgtagtcctt tgctgtaagtatctggatatttgttgaattagtaaatgtcaatgtagataga	~
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 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.



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







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.







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.

	C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1
	▷ aPa-182409 cggatccnctagtaacggccgccagtgtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagccctttaaattgagt ggtggaaaaaattgctatgaacaagaacaaataatagatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgtgaaatagagata tgactccagcctttaatttgacaagtagattatcaacagcggagtttgtgtaggacgtaagcaaaatggatgaactCta atcaacagggctttcacagcatgcaccatggtggatgtctgcccgttccaggcattcctagtataagagcgtagtcctt tgctgtaagtactggatattgtgaatagtaaatgtccatattcaatagatag
	Ceseleccionar Todo
	C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008 Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT
L	Exportar como JSON Exportar como CSV
	Exportar como .gep
	Total de bases CGTAN(U): 1580748

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.

appided pointion biart Soc de rotas		- 5 ×
cggatecnetagtaacggcogc attegreettea		
1	Lines 7, columns 1	100% Windows 20121 UTF 8
uro 17 Contonido do oco	doo Dooordor quo o	

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





Control Section Rock and Section Section Section Status Formation Androi Section Status Formation Original", 314154, 318737, 469255, 474594, 0, 12008 "Total Sectionson", 317, 75, 69, 1. "Section Classification Section S

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

apported selection gep Illoc de notas	- 0 ×
Ardie Iskia Format Ve Apala # Netadat Fecha: 2024-12-09 14:12:26 Nombre del archivo original: DArT_Apple.blast Total de bases CGTAUN 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	
# Secuencia: >secuencia1 C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0 cggatcentagtameggeogs >secuencia2 c: 5 G: 1 T: 4 A: 2 N: 8 U: 0 atteggeottem	
	Lanue T. columnus 1 190% UNIX (3.F) UTE-8

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.

and the second second second second		
	Análisis de Datos	
	and the second sec	
	Metadatas	
	subsidiare proprior di las fermi	
	Operations(2004) Environment Operations(2004) Environment Operations(2004) Environment Operations(2004) Environment Operations(2004) Environment	
	Concession of the second se	
	Manadata dal antifiviti Pres di Generale al Informazione di una di una	
	Constant of and an angular Same de 189	
	Taxena UK	
	4 (01 i al 104) fans ei annen dar ser	

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.

O Alax		×
🐵 👋 👘 🕈 Eduroppipe 🗵 Europipe	✓ O Inna mEntres.	p
Organisa * Norve capito	# · 11	0
 Process relative Conclusion (C) → Conclusion + Pernotant Inter sequese Documentors <		
Nombre de activité exported jedector gep	Archive GEP Abov Cancelar	

Figura 21. Apertura o carga del archivo GEP.

rEditPro 3 a reas localmente 4	nalistan Dana Augusta	lautz -
	Análisis de Datos Descritor inter app Setucions attendi insperse, setucion gep	
	Vita er prines ave Metadiatos:	
	Seleccione categoria de los datos	
	Time doe naves CV/NETH en organal Time to have a selectromain Time to have a selectromain	
	Aprear forecore	

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





GerEdtPig Distance Codaries instancement lagrent		lipste -
	Análisis de Datos Internet antes par Intercour article De articles antes Com	
	with our active gas	
	Metadatos: * estadatos: instense: Malantina da la	
	* Postantilizi Visitantilizi Visitantilizi Visitantilizi Postantilizi Postantilizi Postantilizi Postantilizi Postantilizi Postantilizi Postantilizi	
	Selezziare categoria de los datos	
	C Turind init: Turing CITINUPL and congrinued	
	D (2011) add/affed from the denotes represented	

Figura 23. Metadatos de GEP cargados al panel.





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.

Vista del archivo gep	
Metadatos:	
# Metadata:	
Fecha: 2024-12-09 14:12:26	
Nombre del archivo original: DArT_Apple-blast	
Total de beses COTAUN en original: 1580740	
C: 314154 G: 518757 T: 469255 A: 474594 R: 12808 U: 8 Total de bases seleccionadas: 35	
C: 11 G: 7 T: 7 A: 8 N: 1 U: 8	
# Secondian:	
>secuencial	
C: 0 0: 0 T: 3 A: 4 N: 1 U: 0	
cggatconctagtwacggooge	
Ci 5 6i 1 Ti 4 At 2 Ni 8 Ul 8	
attegecettea	
Seleccione categoria de los datos	
E Total de bases CGTAUN en original	
E Total de bases seleccionadas	
Secuencias individuales	
P. Salassionar Todor	

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.



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

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. www.geneditpro.com + www.labdatam.com





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.

Desglose:	- 310737 T- 46025	A- 474504	ere in	12000	
Paras salas	danadari		0.0	12000	
Totak 34	lonadas:				
Desglose:					
C: 13 G: 7	T:7 A:6 U:0	N: 1			
Secuencias:					
secuencia1: C: secuencia2: C:	8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 5 G: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: (1			
_					

Figura 27. Selección de estadísticos (descriptivos).





Το	tales	Selec	cionados	Secu	encias	
	Media 263458.00	Med 5.67	ia	Media 2.83		
B	ase Media	Base	Media	Base	Media	
с	314154.00	с	13.00	с	6.50	
G	310737.00	G	7.00	G	3.50	
т	469255.00	т	7.00	т	3.50	
A	474594.00	A	6.00	A	3.00	
U	0.00	U	0.00	υ	0.00	
N	12008.00	N	1.00	N	0.50	
Descriptiva Media Mod	Inferencial Machine Lea da Mediana Min M	aming ax Quantik	e 25 Quantile 50	Quantile 75		

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

2054	lia	M	oda	777 214154	460355	47450	Med	iana	Min	Max	04.00	
	158.00	υ,	12008, 31	J/S/, S14154	, 409255	, 474594	5124	45.50	0.00	4745	94.00	
Qua 1200	ntile 2 08.00	25 (Quantile ! 314154.00	50 Quant 46925	tile 75 5.00							
ase	Med	ia	Moda	Mediana	Min	M	ax	Quan	tile 25	Quanti	ile 50	Quantile 75
	3141	54.00	314154	314154.00	314154	LOO 31	4154.00	31419	54.00	314154	.00	314154.00
	3107	37.00	310737	310737.00	310737	.00 31	0737.00	31073	37.00	310737	.00	310737.00
	4692	55.00	469255	469255.00	469259	.00 46	9255.00	46925	5.00	469255	.00	469255.00
	4745	94.00	474594	474594.00	474594	.00 47	4594.00	47459	4.00	474594	.00	474594.00
	0.00		0	0.00	0.00	0.	00	0.00		0.00		0.00
	1200	8.00	12008	12008.00	12008.	00 12	2008.00	12008	8.00	12008.0	00	12008.00
S	elecc	ionad	los									
	Medi	a N	Aoda	Mediana	Min	Max	Quant	ile 25	Quar	tile 50	Out	antile 75
	5.67	7		6.50	0.00	13.00	1.00		7.00	icite 50	7.00)
	2250	Madi	Moda	Mediana	Min	May	Quant	ilo 25	0	tilo 50	0	ntilo 75
	-	13.00	13	13.00	13.00	13.00	13.00	ile 25	13.00	ule 50	13.0	nule / 5
	5	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		
1	A	6.00	6	6.00	6.00	6.00	6.00		6.00		6.00	
t	J	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00		0.00		0.00	
1	N	1.00	1	1.00	1.00	1.00	1.00		1.00		1.00	
S	ecue	ncias										
	Med	ia l	Moda	Mediana	Min	Max	Quanti	le 25	Quan	tile 50	Qua	antile 75
	2.83	C	0	2.50	0.00	8.00	1.00		3.00		5.00)
1	Base	Medi	a Moda	a Mediana	Min	Max	Quantil	e 25	Quant	ile 50	Quar	itile 75
	с	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	
1	т	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	
- I.	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	

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.





Media Moda Mediar	a Min	Max Qu	antile 25	Quantile 50	Quantile 75
ienerar Gráfico					
ráfico de Barras					
Gráfico de Líneas					
Gráfico Circular					
Gráfico de Dispersión					

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.

Med 2.83	ia Mo 0	oda N 2	fediana .50	Min 0.00	Max 8.00	Quantile 25	Quantile 50 3.00	Quantile 75 5.00
Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
с	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
т	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 Non de Base	0.00 is Seleccionadas ias de Seves	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00 s Seleccionadas	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00 Non de Base Friscuer	0.00 is Seleccionadas ine de lleves	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00 is Seleccionatas na de Beses	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00 is Seleccionatas na de Beses	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00 ns Seleccionadas ma te lleure	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00 Non de Base Presuen	0.00 rs Selecciónadas mar de Senes	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00 ns Seleccioradas una tie lieure	1.00	1.00
N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00 Not de Base	0.00 is Seleccionadas ino de Renes	1.00	1.00







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.

Descriptiva	Inferencial	Machine Learni	ing			
Media Mo	oda Mediana	Min Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75	
Generar Graf	Ratras					
Gráfico de l Gráfico Circ Gráfico Circ Gráfico de l Seleccionar	Líneas :ular Dispersión 'Todos					
Test de hipót Generar Gráf	tesis Intervak	o de confianza	ANOVA			
Oustering	Regresión	Árboles de decisió	in			
Generar Gräf	lico		Turner the D	DE:		

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.
- 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
- E-mail ou Telefone de Contato: director@labdatam.com; 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.

Bem-vindo ao GenEditPro Ferramentas para Edição e Análise Eficiente de Sequências Genéticas							
List	DATAM Ir para GenEdtPro Anal	se de Nucleofideos - Serviços - Informaç	obes: GenErktPro - Manual usuario - Ide	ima =			
Z	C	<u>⊷</u>	÷.	Ь			
Gene-A-Line	Ir para GenEditPro	Anàlise de Nucleotideos	GeneditProt-einas	Análise de Proteinas			
Ferramenta avançada para alinhamento e comparação de seçuências genéticas.	Acessae a ferramenta para oditar soquências nucleotideos.	Realize análises estatisticas e de machine learning em seue dedos	Fernamentas especializadas para anárise o edição de seguências proteicas	Ferramentas avançadas paca análise de sequências proteicas			
Ir para Gane.A.Lina	k para GanEdifYo	it para Antilan da Naciantation	Ir para GeneditProt	ir para Antálise de Proleitues			
	02	024 LabDATAM. Todes los denichos rese	rvados.				

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.





Fluxo de trabalho:

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

्यू हो। * व्यू रे Gentation	
Bienvenido a GenEditPro	
Herramientas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Inteligentes	
BLAST	~
Seleccionar archivo Sin archivos seleccionados	
C 0 C 0 T 0 A 0 U 0 N 0	
Deseleccionar Todo Limpiar	
C:0	
Exportar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT	
Support of California (SON)	
Expertance come asket	
Exportar como .gep	
Total de bases CGTAN(U); 0	

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.

	R	ionvoni	do a G	onEdit	Dro		
	DI	enven	uoaG	encun	FIO		
Herran	ventas de Ed	icion y Analise	s Genetico par	a la Toma de	Decisione	is inteligent	es.
BLAST							
Seleccionar	archivo DAr	T_Apple.blast					
¢	0 G	0 T	0 🔺	0	0	N O	
constcoreta	agtaacogeeee	reatotorioa	atteneertteant	reactionatio	ntocancert	ttaaattriant	
Cigigare contract	id maned decide	Control (1) State of the Control of the State of the S		L-141031.4 1. L-14 L-147 L-1.4	14 - E. Y. H. M.	I STATUTE CONTRACTOR	
0010033333	attoctatoaac	aacaacaataat	taatgatagaaaa	aaratocttato	aatonatoto	asatananat	ta l
ggtggaaaaa	sattgctatgaac tttaatttnacaa	aagaacaaataal mtanattatcaac	taatgatagaaaa anconanttintr	aacatgcttato	aatggatgtg	gasatagagat atnaacctCta	ta
ggtggaaaaa tgacctcagco Atcaacagog	sattgctatgaac tttaatttgacaa ctttcacaocatr	aagaacaaataa Igtagattatcaac ocaccatootooa	taatgatagaaaa agcggagtttgtg totcttocccotto	aacatgcttato taggacgtaa caggcattcct	aatggatgtg gcaaaatgga iotataagag	gaaatagagat atgaacctCta icotaotoctt	ta
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg toctotaagta	attgctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatg tctooatatttot	aagaacaaataa igtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtagat	taatgatagaaaa agcggagtttgtg tgtcttgcccgttc otccatattcaata	aacatgcttato taggacgtaa caggcattcct gataactogaa	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc	gaaatagagat atgaacctCta ogtagtoott aaacaatt	ta
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta ttagcctcagg	sattgctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatç tctggatatttgt jatacagactttci	aagaacaaataal gtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaat tgtgggaagatcg	taatgatagaaaa agcggagtttgtg tgtcttgcccgttc gtccatattcaata gaaacgataagtc	aacatgcttato taggacgtaa caggcattoct gataactggaa atCgtaggtCo	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc jtacccagtgi	gaaatagagat atgaacctCta acgtagtoctt aaacaatt cgcaagatcga	ta Ba
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta ttagcctcagg acgataagtat	attgctatgaac :tttaatttgacaa ctttcacagcatg tctggatatttgt jatacagactttci ttatggaaaaatj	aagaacaaataal igtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaat gggggaagatcg ggtagatgtatag	taatgatagaaaa agoggagtttgto igtottgccogtto gtccatattcaata gaaacgataagto aaaaccttaagaa	aacatgcttatc taggacgtaa caggcattcct gataactggaa atCgtaggtCg tggctCgacg	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc gatcagtgi ctgatcatcat	gaaatagagat atgaacctCta icgtagtoctt aaacaatt cgcaagatcga ttaaatttctC	ta aa
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta ttagcctcagg acgataagtat	attgctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatr tctggatatttgt atacagactttct ttatggaaaaatr	aagaacaaataa igtagattatcaac jooccatggtgga tgaattagtaaat igtgggaagatog ggtagatgtatag	taatgatagaaaa agcggagtttgtg tgtcttgcccgttc gtccatattcaata jaaacgataagtc aaaaccttaagaa	aacatgottato taggaogtaa caggoattoot gataactggaa atOgtaggtCo tggotCgaog	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc stacccagtgi ctgatcatcat	gaaatagagat atgaacctCta xcgtagtoctt aaacaatt cgcaagatcga ttaaatttctC	ta aa >
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta ttagcctcagg acgataagtat	satigctatgaac tittaattigacaa ctttcacagcatr tctggatattigt satacagactttci ttatggaaaaatr	aagaacaaataa gtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaat gtggggaagatcg ggtagatgtatag	taatgatagaaaa agcggagtttgt tgtcttgcccgttc gtccatattcaata jaaacgataagtc aaaaccttaagaa	aacatgottato taggaogtaa caggotottoot gataactggaa atCgtaggtCg tggotCgaog	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc gatcagtgt ctgatcatcat	gaaatagagat atgaacctCta ooglagtoctt aaacaatt ogcaagatogi ttaaatttotC	ta aa >
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta ttagcctcagg acgataagtat C Deseleccion	aatigctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatg tctggatattigt iatacagactttci ttatggaaaaatg ian Todio	aagaacaaataa ggagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaato ggtagaagato ggtagatgtatag	taatgatagaaaa agcggagtttgt tgtcttgcccgttc gtccatattcaata jaaacgataagtc aaaaccttaagaa	aacatgcttatic taggacgtaa caggcattcct gataactggaa atCgtaggtCg tggctCgacg	aatggatgtg gcaaaatgga ggtataagag gattagtgtc gatcagtgt ctgatcatcat	qaaatagagat atgaacctCta xcgtagtoctt aaacaatt cgcaagatcga ttaaatttctC	ta aa >
ggtggaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta tfagcctcagg acgataagtat Deseleccion	aatigctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatg tccggatattigt tatggaaaaatg tatggaaaaatg	aagaacaaataa gtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaat ggggggaggatg ggtagatgtatag	taatgatagaaaa agcggagtttgtg tgtcttgcccgttc gtccatattcaata gaaacgataagtc aaaaccttaagaa	aacatgottatic taggaogtaa caggoattoot gataactggaa atCgtaggtCg tggotCgaog	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc itacccagtgi ctgatcatcat	qaaatagagat atgaacctCta xcgtagtoctt aaacaatt cgcaagàtoga ttaaatttotC	ta aa >
ggtggaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta tfagcctcagg acgataagtat Deseleccion	aatigctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatg tctggatatttgt ratacagactttct rataggaaaaatg nar Todio	aagaacaaataa gtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaato ggtagaagatog ggtagatgtatag	taatgatagaaaa agcggagttigtg tgtcttgcccgttc gtccatattcaata gaaacgataagtc aaaaccttaagaa	aacatgcttatic taggacgtaa caggcattcct jatäactggaa atCgtaggtCg tggctCgacg A: 474594	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc itacccagtgi ctgatcatcat	qaaatagagat atgaacctCta icgtagtoctt aaacaatt cgcaagatogi ttaaatttotC N: 120	ta aa >
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta tfagcctcagg acgataagtat Deseleccion	eatigctatgaac ctttaatttgacaa ctttcacagcatg tctggatatttgt iatacagactttci tatggaaaaatg ian Todo	aagaacaaataa agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaato ggtagaatgtatag Limpiar	taatgatagaaaa agcggagttigtg tgtcttgcccgttc gtccatattcaata gaaacgataagtc aaaaccttaagaa	aacatgcttatic taggacgtaa caggcattcet gataactggaa atCgtaggtCg tggctCgacg A: 474594	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc tacccagtgi ctgatcatcat	gaaatagagat atgaacctCta icgtagtoctt aaacaatt cgcaagatcgi ttaaatttotC N: 120	ta aa >
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta tfagcctcagg acgataagtat Deseleccion	eatigctaigeac citicacagcaig citicacagcaig ictiggatailigt iatacagactitic itatggaaaaaag ian Todo	aagaacaaataa agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaato ggggagaagato gggtagatgtatag Limpiar	taatgatagaaaa agcggagttigtg tgtcttgcccgttc gtccatattcaata jaaacgataagtc aaaaccttaagaa	aacatgottato taggaogtaa caggoottoot gataactggaa atCgtaggtCg tggotCgaogg A: 474594	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc tacccagtgi ctgatcatcat	gaaatagagat atgaacctCta icgtagtoctt aaacaatt cgcaagatogi ttaaattictC N: 120	ta aa > 08
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta tfagcctcagg acgataagtat Deseleccion C:3141	aatigctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatg tctggatattigt iatacagactttct tatggaaaaaatg ian Todio 154 G; 3 xportar como	aagaacaaataa agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaat tgggggaagatcg ggtagatgatgtatag Limplar 110737 T BLAST E	taatgatagaaaa agcggagtttgt tgtcttgcccgttc gtccatattcaata jaaacgataagtc aaaaccttaagaa : 469255	aacatgcttatc taggacgtaa caggcattcct gataactggaa atCgtaggtCg tggctCgacg A: 474594 FASTA	aatggatgtg gcaaaatgga ggtataagag gattagtgtc tacccagtg ctgatcatcat	gaaatagagat atgaacctCta icgtagtoctt adacaatt cgcaagatogi ttaaattictC N: 120	ta aa > 08
ggtggaaaa tgacctcagc atcaacaggg tgctgtaagta ttagcctcagg acgataagtat C: 314	attigctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatg tctggatattigt iatacagactttc ttatggaaaaatg ian Todio 154 G: 3 xportar como	aagaacaaataal agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaat gtggggaagatcg ggtagatgtatag Limpiar 110737 T. BLAST E	taatgatagaaaa agcggagtttgt tgtcttgcccgtto gtccatattcaata jaaacgataagto aaaaccttaagaa : 469255	aacatgcttatc taggacgtaa caggcattcct gataactggaa atCgtaggtCg tggctCgacg A: 474594 FASTA	aatggatgtg gcaaaatgga ggtataagag gattagtgtc tacccagtg ctgatcatcat	gaaatagagat atgaacctCta icgtagtoctt aaacaatt cgcaagatogi ttaaatttictC N: 120	ta aa > 08
ggtggaaaa tgacctcagc atcaacaggg tgctgtaagta ttagcctcagg acgataagtat C:3141	attigctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatg tctggatattigt iatacagactttc ttatggaaaaatg 154 G; 3 kportar.como	aagaacaaataal agtagattatcaac gcaccatggtgga tggaattagtaaat tgtgggaagatc ggtagatgtatag Limpiar 10737 T BLAST E Exportar como	taatgatagaaa agcggagtttigt tigtettigecegitte giceatatteaata gaaacgataagte aaaacettaagaa : 469255 Xportar como	aacatgcttatc taggacgtaa caggcattcct gataactggaa atCgtaggtCq tggctCgacg A: 474594 FASTA	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc ttacccagtgi ctgatcatcat U: 0	gaaatagagat atgaacctCta cogtagtoctt aaacaatt cgcaagatogi ttaaatttoctC	ta Ba D8
ggtggaaaa tgacttagct atcaacaggg tgctgtaagta ttagcctcagg acgataagtat Cc 3141	attigctatgaac tttaatttgacaa ctttcacagcatg tctggatattigt tatacagactttc ttatggaaaaatg 154 G: 3 sportar.como	aagaacaaataa agtagattatcaac gcaccatggtgga tggattagtaaat gtggggaagatc ggtagatgtatag Limpiar 10737 T BLAST E Sportar como	taatgatagaaa agcggagttigtr itgtettgecegtte gtecatatteaata gaaacgataagte aaaacettaagaa : 469255 Xportar come	aacatgottato taggaogtaa caggoattooti gataactggaa atOgtaggtCg tggotCgaogg A: 474594 FASTA	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc itacccagtgi tgatcatcat	gaaatagagat atgaacctCta cogtagtoctt aaacaatt cgcaagatogi ttaaatttoctC	a 3a >
ggtggaaaaa tgacctcagco atcaacaggg tgctgtaagta tfagcctcagg acgataagtat C: 3141	attigetatgaae tttaatttgacaa ettteaetttgacaa tetggatattigt tetggatattigt tatacagaetttee ttatggaaaaatg 154 G: 3 sportar.como	aagaacaaataal agtagattatcaac gcaccatggtgga tgaattagtaaat gtggggaagatc ggtagatgtatag Limpiar 10737 T BLAST E Exportar como	taatgatagaaaa agcggagttigt tgtcttgcccgtto gtccatattcaata gaaacgataagto aaaaccttaagaa xportar como	aacatgottato taggaogtaa caggoattooti gataactggaa atCgtaggitCg tggotCgaogi A: 474594 FASTA portar como	aatggatgtg gcaaaatgga igtataagag gattagtgtc itacccagtgi tgatcatcat U: 0 C: 0	qaaatagagat atgaacctCta icgtagtoctt aaacaatt cgcaagatogi ttaaatttotC N: 120	aa >

Figura 2. Edição de sequência.





11. **Análise de dados**: os dados carregados e editados podem ser analisados usando ferramentas estatísticas e de aprendizado de máquina.

Análisis de Datos Selectanar activo gen
Bekennen anthög lär erfran sergernados
Wein and another gap
Metadatos:
Terminations Product 2006-12-07 100.101.20 Homology 402 erroritim trilgErd1-1 sample.fmtrtu.tot. Tatala 6 homoi (2016) erroritim vol = rigitand. 600 C1 400 ni 1401 to 200 40. not 10 ni 13.2 Tatala 6 homoi (2016) reample.fmtrtu.tot. Tatala 6 homoi (2016) rigitand. 610 C1 400 ni 1401 to 200 40. not 10 ni 13.2 Tatala 6 homoi (2016) rigitant.tomedia: 130 C2 40 ni 40.7, 130 Ac 400 ni 0.12
 Because tian Supervisitat Supervisitat Supervisitat Supervisitation to the supervisitation of t
C - 14 K (KT, KK K) LK (K K K K) C (KT CHATTALANC, CAST CHATTATIS MAND UNITATIS TO CONTINUE ACCOUNTS CASA (C) (C) TA O (S) T, T (LK A) LA K (K K K K) K AGAC MARK TASCARTACABET TROAT THE AND ANY TO ANY TELEMAN ANY COUNTS AGAC MARK TASCARTACABET TROAT THE ANY TO ANY TELEMAN ANY COUNTS ANY CAST (LK K K) LK (K K LK K K K K) C) T T K (LK K K) LK (K K LK K K K K K)
Cash tao Bhand Sace Treadobh the TBACTTO ABAR TO ANG MARK BOB AT A TOBOR

Figura 3. Upload do arquivo GEP.





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.bct	
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 1: 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. Metadados e cálculos estatísticos e aprendizado de máquina





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

GeriEditIho	a strain Gerbarts, manu e bass lapores manu -	
	Reportes Deres records dealers a partir de las antinas	
	Antagene Filingeneenkaal Avenue Astageneenkaal Visaa Astageneenkaal Astageneenkaal Regionerka	
	© 2514 LatCHTNA. Toolo to desisten reservatos.	

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

GenditPro 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 Aligment 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.

	Bem-V Ferramentas para	INGO AO GEN Edição e Análise Eficiente de Se	IE OITPro squéncias Genéticas	
Lab	DATAM Ir pera GenEdiPro Anal	se de Nucleolideos - Serviços - Informaç	dee: GenEddPro Manual uwano kik	erne -
z	C	<u>⊷</u>	÷.	<u>.</u>
Gene-A-Line	Ir para GenEditPro	Anàlise de Nucleotideos	GeneditProt-einas	Análise de Proteinas
Fernemente avançada para alinhamanto e comparação de sequências genéticas	Acesse a ferramenta para editar seguências nucleotideos.	Realize análises estatisticas e de machine learning em seue dedos.	Fernamentas especializadas para anárise o ocição de seguências proteicas	Ferramentas avangadas para análise de sequências proteicas.
Ir pana Gene-A-Line	k para GanEdiPro	it para Anàlise de Nacionatidos	Ir para GeneditProt	ir para Anslise de Protectus

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 + www.labdatam.com





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

O Alas	×
🐢 🔅 – 🕂 🔳 🖻 fate orgaiger 🕫 farstenior 2	γ0 haurarfantais β
Organisa * Nerve capita	e · 13 0
 Acress rigidad Chard Hool KC) Chard Hool KC) Chard Hool KC) Chard Service The readow Downleads Downleads Downleads Downleads Downleads Chard Arguin <li< th=""><th></th></li<>	
Namethan de ambleo: Court Appalolation	Archivers personalization
	Ably Canoola
= Q 🗿 =	• € 0 100

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.





GenEditPro	Ir al Inicio GenEditPro	Análisis de Datos	Reportes	Español	~
	G	mEditPro			
	Bienvenido	a GenEdi	tPro		
Herramientas	de Edición y Análisis Gene	ético para la Toma d	e Decisione	s Inteligente	S
BLAST					~
Seleccionar archive	DArT_Apple.blast				
C 0	G 0 T 0	A 0	U O	N 0	
> aPa-182409 cggatccnctagtaacg ggtggaaaaaattgcta tgacctcagcctttaattt atcaacagggctttcaca tgctgtaagtatctggat ttagcctcaggatacag acgataagtattatggaa	gccgccagtgtgctggaattcgo Itgaacaagaacaaataataatga gacaagtagattatcaacagcgo agcatgcaccatggtggatgtctt atttgttgaattagtaaatgtccat actttctgtgggaagatcgaaaco aaaatggtagatgtatagaaaaco	ccttcagtcaagttagat <u>c</u> utagaaaaaacatgcttatu yagtttgtgtaggacgtaa gcccgttccaggcattcct attcaatagataactggaa gataagtcatCgtaggtC cttaagaatggctCgacg	gtgcagccct caatggatgtg gcaaaatgga agtataagag agattagtgtca gtacccagtgo ctgatcatcat	ttaaattgagt aaatagagata itgaacctCta cgtagtcctt aaacaatt cgcaagatcgaa ttaaatttctC	
Deseleccionar Todo	o Limpiar				
C: 314154	G: 310737 T: 4692	255 A: 474594	U: 0	N: 1200	8
Exportar	como BLAST Exporta	ar como FASTA	Exportar co	mo TXT	
	Exportar como JSON	Exportar come	o CSV		
	Exporta	r 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.

BLAST							
Seleccion	ar archivo D	ArT_Apple.blast					
C	13 G	7 T	7 A	6	U O	N	1
tiagottoag tiagottoag acgataagt	tatciggatattig ggatacagacttt attatggaaaaa	rtgaartagtaaa cigigggaagatc tggtagatgtatag	igtocataticaat gaaacgataagi jaaaacottaagi	agataactgga icatCgtaggt0 iatggctCgacg	agattagtigt gtacccagti actgatcatca	caaacaatt pogcaagat mtaaamic	cgaa tC

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

www.geneditpro.com + www.labdatam.com





GenEditPr	O Ir al Inicio GenEditPro Análisis de Datos Reportes Espai	ĭol ∽
	GeneditPro	
	Bienvenido a GenEditPro	
Herramien	ntas de Edición y Análisis Genético para la Toma de Decisiones Intelio	gentes
BLAST		~
Seleccionar arc	chivo DArT Apple.blast	
C 1		1
cggatccnctagta ggtggaaaaaatt tgacctcagccttta atcaacagggcttt tgctgtaagtatcto ttagcctcaggata acgataagtattat	acggccgccagtgtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagccctttaaattg gctatgaacaagaacaaataatagtgagaaaaaacatgcttatcaatggatgtgaaatag aatttgacaagtagattatcaacagcggagtttgtgtgaggacgtaagcaaaatggatgaacc ccacagcatgcaccatggtggatgtcttgcccgttccaggcattcctagtataagagcgtagt ggatatttgttgaattagtaaatgtccatattcaatggataacctggaagattagtgtcaaacaat icagactttctgtgggaagatcgaaacgataagtcatCgtaggtCgtacccagtgcgcaga ggaaaaatggtagatgtatagaaaaccttaagaatggctCgacgctgatcatcttaaattt	gagt agata tCta tctt t atcgaa ctC v
Deseleccionar C: 314154	Todo Limpiar G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N:	12008
Ехро	rtar como BLAST Exportar como FASTA Exportar como TXT	
	Exportar como JSON Exportar como CSV	
	Exportar como .gep	

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





8. Desseleção de fragmento:

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



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







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.







Figura 14. Contagens totais de sequências após upload do arquivo, totais de sequências 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.

C 13 G 7 T 7 A 6 U 0 N 1
> aPa-182409 cggatccnctagtaacggccgccagtgtgctggaattcgcccttcagtcaagttagatggtgcagccctttaaattgagt ggtggaaaaaattgctatgaacaagaacaaataataatgatagaaaaaacatgcttatcaatggatgtgaaatagagata tgacctcagcctttaatttgacaagtagattacaacgggagtttgtgtgagagcgtaagcaaaatggatgaacctCta atcaacaggggctttcacagcatgcaccatggtggatgtcttgcccgttccaggcattcctagtataagagcgtagtcctt tgctgtaagtatctggatattgtgaaatagtagatagtagaatgaagatagtgtgaaatggatgacctCta tgcctcaggatacggatgtgtgaaatggtggaagtcgaaacgatagtgcaacaatt ttagcctcaggatacggatgttgtggagagatcgaaacgataagtcatCgtaggtCgtacccagtgcgcaagatcgaa acgataagtattatggaaaaatggtagatgtatagaaaaccttaagaatggctCgacgctgatcatcatttaaatttctC
Compared and the seleccionar 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

www.geneditpro.com + www.labdatam.com





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.





Productions bank the order of a second se

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

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

www.geneditpro.com + www.labdatam.com





- 0

exponed_selection.gep Bloc de setss
Ardive Edition Formatie Ver Ayuda
Metadata:
Fecha: 2024-12-00 14:12:26
Nombre del archivo original: DAPT_Apple.blast
Total de bases CGFAUM en original: 1580748
C: 314154 G: 310737 T: 409255 A: 474594 N: 12008 U: 0
Total de bases seleccionndas: 34
C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 N: 1 U: 0

Secuencia: secuencial C: 8 G: 6 T: 3 X: 4 N: 1 U: 8 cgpatconctagtascgpccp: secuencia2 C: 5 G: 1 T: 4 X: 2 N: 8 U: 8 attopscottca



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.
- 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:
 - Entre no módulo **GEP File Editing** no menu principal do GenditPro.

A loss being survive and		
	Análisis de Datos	
	Contraction of the Contraction o	
	Metadatas:	
	Name and Address of the Address	
	 1. The produced ETPAH is required 2. The produced ETPAH is required 3. The product of the Point 4. Summary Res. 	
	The second se	
	Mattachadus del archives Press de Cesados del Internet Illus de la cuisto	
	tanana af anita nagata Satu de Ita	
	Dipartial (UP)	

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 O sistema exibirá o conteúdo do arquivo GEP na interface de metadados.

O Alas	×
e 🕂 🕈 🔳 > Este regipe > Escritorie	τ D Bara er Eartheir β
Organise * Nerve carpite	# · 11 0
 Access rigide Disco Indel (C) Conditions - Remonant Internations Discoverations Discoverations Discoverations Discoverations Discoverations Discoverations Discoverations Objectors (D) Visitions Objectors (D) Visitions Discoverations (R) Preservation parts of at a second (R) Terrations Terration	
Nombre deamNov: exported selectors gep	Archive GP
	Abit Catolie
= o 🗛 =	💋 🔷 🖉 🖉

Figura 21. Abrindo ou carregando o arquivo GEP.

rEditPro 3.6 cm. Industry Au	nalise Daniel Pargenani.	hautz
	Análisis de Datos Descener entres are General montes (montes press	
	With an extense gap	
	Metadatos:	
	Salerzione categoria de los dotos	
	Transi der tenese CU/Taryte es orspannel Taryta (der benenne verbeitstennung bischamstalle translandnaden Seischamstalle freußendaden	

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





GerEdtPig in the Collective Institute Case Auguster		ligatar -
	Análisis de Datos Internet artero per Intercona utilità Constituen anteres anteres anteres	
	NUMBER AND AND ADDRESS OF ADDRESS OF ADDRESS AD	
	Metadatos: * nase: Sectors: home: Sectors:	
	Seleccione categoria de los datos	
	C Instal tile bases CITW/A an original	
	Cr 2014 LakOM/Adl. Indias to distribut reconstitut	

Figura 23. Metadados GEP carregados no painel.





11. Seleção de dados:

- Uma vez carregado o arquivo, os valores poderão ser visualizados, agora os parâmetros desejados devem ser selecionados.
- Você pode selecionar dados por categoria após selecionar com "verificação", lista de verificação, agrupamento ou ganchos de lista.
- Pressione o botão Aplicar Seleção, os dados do GEP serão carregados.

Vista del archivo.gep	
Metadatos:	
# Metadata:	
Fecha: 2024-12-09 14:12:26	
Nombre del archivo original: DArT_Apple.blast	
rotal de Deles Culaun en originali 1560/48	
Total de bases seleccionadas: 34	
C: 13 0: 7 T: 7 A: 8 N: 1 U: 0	
# Securncian:	
>secuencial	
C: 0 0: 6 7: 5 A: 4 N: 1 U: 0	
cggstconctsgtwacggccgt	
Secuencial	
attegeettes	
51.	
Seleccione categoria de los datos	
E. Total de bases (GTAIN en orminal	
El Total de bases seleccionadas	
E Secuencias individuales	
D. Colorina Training	

Figura 24. Selecione a categoria de dados usando check , Checklist, comparação ou ganchos.





12. Aplicar seleção :

- 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.



Metadata del archivo	$\langle \rangle$
echa de Creación del Informe: 2024-12-09 19:22:17	
Nombre del archivo cargado: exported_selection.gep	
Datos de GEP:	
echa de Creación del Informe: 12/09/2024, 14:12:26	
Nombre del archivo cargado: DArT_Apple.blast	
Fotales originales:	
otal bases CGTAUN: 1580748	
Desglose:	
C: 314154 G: 310737 T: 469255 A: 474594 U: 0 N: 12008	
Bases seleccionadas:	
īotal: 34	
Desglose:	
C: 13 G: 7 T: 7 A: 6 U: 0 N: 1	
Secuencias:	
ecuencia1: C: 8 G: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1	/

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:

- o 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 sequências selecionadas na fase anterior.



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

www.geneditpro.com + www.labdatam.com





10. Cálculos Quantitativos:

- 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.

Desglose:	10737 T- 460255	A- 474504 11-0	NH 5 3000	
e 514154 G.		0.0	11. 12000	
Bases selecci Total: 34	inadas:			
Desalose:				
C: 13 G: 7	F:7 A:6 U:0	N: 1		
Secuencias				
secuencia1: C: 8 (secuencia2: C: 5 (3: 6 T: 3 A: 4 U: 0 N: 1 3: 1 T: 4 A: 2 U: 0 N: 0			
cencercroce as a	2 1 11 4 PL 2 01 9 14 9			

Figura 27. Seleção de estatísticas (descritivas).





Tota	les	Selec	cionados	Secu	encias
Me 263	e dia 8458.00	Med 5.67	ia	Med 2.83	dia
Base	Media	Base	Media	Base	Media
с	314154.00	с	13.00	с	6.50
G	310737.00	G	7.00	G	3,50
T .	469255.00	т	7.00	т	3.50
A	474594.00	A	6.00	A	3.00
U	0.00	U	0.00	υ	0.00
N	12008.00	N	1.00	N	0.50
Descriptiva II Media Moda	nferencial Machine Mediana Min	Learning Max Quantil	e 25 Quantile 50	Quantile 75	

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

2054		M	oda	777 214154	460355	47450	Med	iana	Min	Max	04.00	
_	58.00	υ,	12008, 310	J/37, 314154	, 409255	, 474594	4 3124	45.50	0.00	4/45	94.00	
Qua 1200	ntile 2 8.00	25 (Quantile 5 314154.00	0 Quant 46925	tile 75 5.00							
ase	Med	ia	Moda	Mediana	Min	N	lax	Quan	tile 25	Quanti	le 50	Quantile 75
	3141	54.00	314154	314154.00	314154	1.00 3 ⁻	14154.00	31419	4.00	314154	.00	314154.00
	3107	37.00	310737	310737.00	310737	7.00 3	10737.00	31073	37.00	310737	.00	310737.00
	4692	55.00	469255	469255.00	469259	5.00 4	59255.00	46925	5.00	469255	.00	469255.00
	4745	94.00	474594	474594.00	474594	4.00 4	74594.00	47459	94.00	474594	.00	474594.00
	0.00		0	0.00	0.00	0.	00	0.00		0.00		0.00
	1200	8.00	12008	12008.00	12008.	00 12	2008.00	12008	3.00	12008.0	00	12008.00
s	elecc	ionad	los									
	Medi	ia M	/loda	Mediana	Min	Max	Quant	ile 25	Ouar	ntile 50	Ou	antile 75
	5.67	7	(5.50	0.00	13.00	1.00		7.00		7.00)
	2000	Madi	Moda	Mediana	Min	May	Quant	ilo 25	0	tile 50	0	ntilo 75
	-	13.00	12	13.00	13.00	13.00	Quant	110 25	13.00	ule 50	13.0	nule /s
	-	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00		7.00		7.00	
1	- r	7.00	7	7.00	7.00	7.00	7.00		7.00		7.00	
1	4	6.00	6	6.00	6.00	6.00	6.00		6.00		6.00	
ι	J	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	
S	ecue	encias										
	Med	ia I	Moda	Mediana	Min	Max	Quanti	ie 25	Quan	tile 50	Qua	antile 75
	2.83	C		2.50	0.00	8.00	1.00		3.00		5.00)
I	Base	Medi	a Moda	Mediana	Min	Max	Quantil	e 25	Quant	ile 50	Quar	tile 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	
1	г	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	
1	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	

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.

www.geneditpro.com + www.labdatam.com





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.

Media Moda	Mediana Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75	
Generar Gráfico	-					
Gráfico de Barras						
Gráfico de Líneas						
Gráfico Circular						
Gráfico de Disper	sión					
Seleccionar Todo	6					

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

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				



www.geneditpro.com + www.labdatam.com







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.

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 8.00 8.00 8.00 6.00 6.00 6.00 6.00 1.00 6.00 1.00 6.00 4.00<	2.83	ia Mo	oda N 2	lediana 50	Min 0.00	Max 8.00	Quantile 25	Quantile 50 3.00	Quantile 75 5.00
C 6.50 5,8 6.50 5.00 8.00 8.00 8.00 G 3.50 1,6 3.50 1.00 6.00 1.00 6.00 4.00 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 0.00 0.00 V 0.00 0 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 1	Base	Media	Moda	Mediana	Min	Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75
G 3.50 1, 6 3.50 1.00 6.00 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 Distribution de Bases Statecoronades	с	6.50	5, 8	6.50	5.00	8.00	5.00	8.00	8.00
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 0.00 0.00 0.00 0.00 1.00 1.00 1.00	G	3.50	1, 6	3.50	1.00	6.00	1.00	6.00	6.00
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 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 1.00 1.00	т	3.50	3, 4	3.50	3.00	4.00	3.00	4.00	4.00
U 0.00 0 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 0.00 1.00<	A	3.00	2, 4	3.00	2.00	4.00	2.00	4.00	4.00
N 0.50 0,1 0.50 0.00 1.00 1.00 1.00	U	0.00	0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Destribución de Bases Seleccionadas	N	0.50	0, 1	0.50	0.00	1.00	0.00	1.00	1.00
						Frequen	tia de Berres		

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.

Descriptiva	Inferencial	Machine Learni	ng			
Media Me	oda Mediana	Min Max	Quantile 25	Quantile 50	Quantile 75	
Gráfico de l Gráfico de l Gráfico de l Gráfico Circ Gráfico de l	Barras Líneas cular Dispersión					
Seleccionar Test de hipót Generar Gráf	Todos tesis Interval fico	o de confianza	ANOVA			
Clustering Generar Graf	Regresión	Árboles de decisió	m			
			Exportar Pl	DF		

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.
- 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.