

ORTHOCLUSTERDB

[Release 2](#)

[Home](#)

[Run OrthoCluster](#)

[View Synteny](#)

[Download](#)

[Help](#)

Sample Run: two genomes

*Job ID

[Upload Files](#)

*Genome 1

Chr/Contig Order

[Browse...](#)

[Browse...](#)

*Genome 2

Chr/Contig Order

[Browse...](#)

[Browse...](#)

Genome 3:

Chr/Contig Order:

[Browse...](#)

[Browse...](#)

[Add more Genome files](#)

*Correspondence File:

[Browse...](#)

* Required fields

[Run OrthoCluster](#)

[Reset](#)

▼ [Parameters](#)

[Order and Strandedness](#)

☒ -rs ☐ -r ☐ -s ☐ -r-s ☐ None

[Synteny Block Size](#)

Lower Bound: Upper Bound:

[Mismatches](#)

-i: -ip:

-o: -op:

[Blocks Produced](#)

☒ Sort output blocks (-x)

☐ Show non-nested blocks only