# Interprétation de mutations génotypiques pour la résistance aux antiviraux (HSV-1)

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Date du séquençage:** | SEQDATE | **Numéro de tube:** | IDTUBE |
| **Initials du patient:** | IDPATIENT | **Matériel:** | Serum |

## Résultat [NA] du séquençage[[1]](#footnote-1) du gène UL23[[2]](#footnote-2) RES-UL23-HHV1

## Résultat [NA] du séquençage1 du gène UL302 RES-UL30-HHV1

**Conclusion de l’analyse**

**Virus probablement résistant à :** LISTERESISTANCES

**Virus probablement susceptible à :** LISTESUSCEPTIBLES

1. Séquençage avec la technologie Oxford Nanopore à lectures longues. [NA]: Non Accrédité. [↑](#footnote-ref-1)
2. Souche de référence connu susceptible (NC\_001806.2)

   \* Le symbole \* est utilisé pour représenter le codon stop. [↑](#footnote-ref-2)