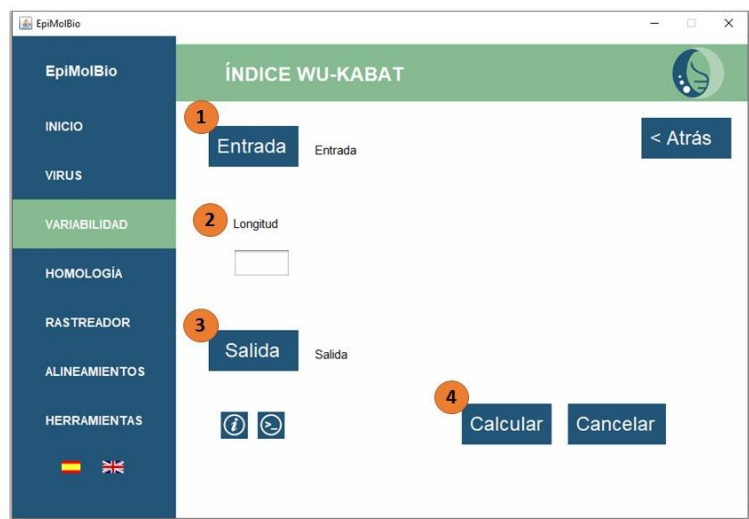


Variabilidad Coeficiente de Wu-Kabat

Permite obtener el coeficiente de variabilidad de Wu-Kabat de secuencias de proteínas para estudiar la susceptibilidad de una posición de AA a los reemplazos evolutivos.



- 1. Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar alineadas en AA (1 archivo o varios).
- 2. Introducir la longitud de AA de la proteína a analizar.
- 3. Introducir la secuencia de referencia en AA sin saltos de línea.
- 4. Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.csv.
- 5. Pulsar Calcular.

	A	B	C	D	E	F
1	Archivo	Posición	Wu-Kabat	Número de Secuencias	Número de Aminoácidos	Frecuencia
2	PR_01_AE.fasta	1	7.007	26838	7	26810
3	PR_01_AE.fasta	2	11.024	26649	11	26591
4	PR_01_AE.fasta	3	5.007	26831	5	26793
5	PR_01_AE.fasta	4	9.013	26816	9	26778
6	PR_01_AE.fasta	5	7.008	26780	7	26750
7	PR_01_AE.fasta	6	5.004	26836	5	26817
8	PR_01_AE.fasta	7	10.025	26536	10	26470
9	PR_01_AE.fasta	8	5.004	26792	5	26771
10	PR_01_AE.fasta	9	6.003	26613	6	26601
11	PR_01_AE.fasta	10	14.866	25952	13	22694
12	PR_01_AE.fasta	11	9.044	26416	9	26287
13	PR_01_AE.fasta	12	12.628	26469	12	25153
14	PR_01_AE.fasta	13	17.825	26150	10	14670
15	PR_01_AE.fasta	14	13.657	26270	13	25006

El archivo .csv es una tabla con el nombre del archivo analizado, la posición de cada residuo y su coeficiente de Wu-Kabat, el número de secuencias válidas para cada posición, el número de AA diferentes en cada posición, y la frecuencia absoluta del aminoácido más frecuente para esa posición.

Más información sobre esta función en el Manual de Usuario, apartado:

II. VARIABILIDAD II.4 COEFICIENTE DE WU-KABAT