Variabilidad Conservación Individual

Permite conocer el grado de conservación de secuencias de interés informando del residuo más prevalente y su porcentaje, generando secuencias consenso



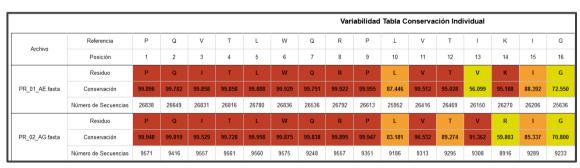
- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar alineadas en NT o AA (1 archivo o varios).
- 2 Seleccionar el Formato de salida escogiendo entre **Lista** (emplea un cribado automático >75%) o **Tabla** (emplea un cribado automático del 100%).
- 3 Introducir la secuencia de referencia en letras sin saltos de línea.
- 4 Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html.
- (5) Pulsar Calcular.

Formato de salida Lista:



Muestra el consenso generado, las posiciones que contengan un residuo conservado con una frecuencia superior al 75%, el residuo con su frecuencia de aparición coloreada según el código de colores, y el número de secuencias válidas para esa posición.

Formato de salida Tabla:



La salida **Tabla** muestra la secuencia de referencia y la posición de cada residuo, seguido del análisis de cada archivo con el residuo más frecuente para cada posición con la celda coloreada siguiendo el código de colores, su frecuencia de conservación y el número de secuencias válidas por cada posición.

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

- II. VARIABILIDAD II.2 CONSERVACIÓN II.2.A) INDIVIDUAL
- página 81 -