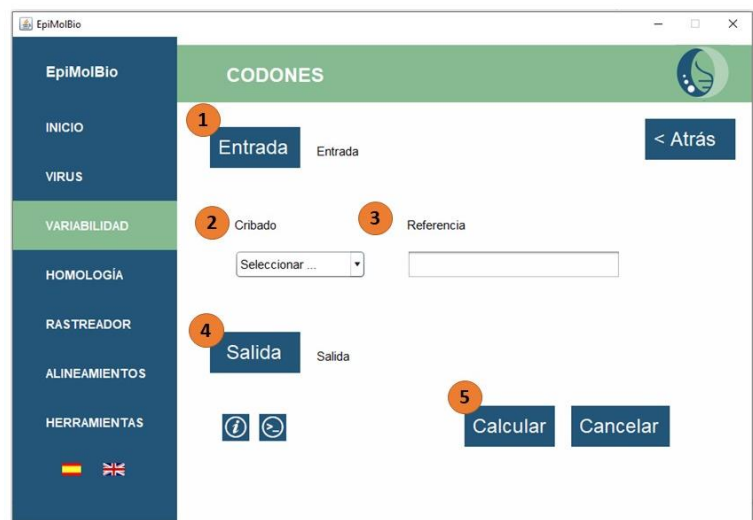


## Variabilidad Polimorfismos Codones

Detecta los codones que son diferentes al los de la secuencia de referencia y su frecuencia de aparición.



- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar en NT (1 archivo o varios).
- 2 Seleccionar la frecuencia de aparición mínima para la detección de codones, eligiendo entre 100% o 75%.
- 3 Introducir la secuencia de referencia en letras sin saltos de línea (en NT).
- 4 Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html.
- 5 Pulsar Calcular.

Variabilidad Polimorfismos Codones > 75%		
PR_01_AE.fasta		
Posición	Residuos	Posiciones Totales
2 Q(CAG)	Q[CAA(96.554%)]	26844
3 V(GTC)	I[ATC(99.765%)]	26847
10 L(CTC)	L[CTT(79.294%)]	26840
14 K(AAG)	K[AAA(91.358%)]	26845
17 G(GGG)	G[GGA(92.468%)]	26845
18 Q(CAA)	Q[CAG(89.655%)]	26845
35 E(GAA)	D[GAT(80.933%)]	26847
36 M(ATG)	I[ATA(98.678%)]	26846
37 S(AGT)	N[AAAT(90.951%)]	26844

El archivo de salida .html es una tabla que muestra cada posición con el codón correspondiente a la secuencia de referencia y el AA que codifica. También indica los codones diferentes detectados en el análisis junto al AA que codifican, su frecuencia de aparición y el número total de secuencias válidas para ese

codón.

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

II. VARIABILIDAD II.1 POLIMORFISMOS II.1.B) CODONES