

Variabilidad Conservación Codones

Permite obtener el codón más conservado de una secuencia de nucleótidos analizada.



- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar alineadas en NT (1 archivo o varios).
- 2 Escoger el porcentaje de cribado entre 100% o >75%.
- 3 Introducir la secuencia de referencia en NT 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.

Variabilidad Conservación Codones 100%		
PR_01_AE.fasta		
Posición	Residuos	Posiciones Totales
1 P(CCT)	P[CCT(99.810%)] S[TCC(0.011%)] P[CCA(0.011%)] ?[CCY(0.022%)] P[CCC(0.026%)] S[TCT(0.067%)] A[GCT(0.004%)] L[CTT(0.004%)] ?[SCT(0.007%)] ?[CCW(0.004%)] P[CCG(0.007%)] T[ACT(0.007%)] H[CAT(0.004%)] ?[YCT(0.004%)] ?[CMT(0.004%)] V[GTC(0.004%)] L[CTC(0.004%)]	26849
2 Q(CAG)	Q[CAA(96.554%)] Q[CAG(2.503%)] E[GAA(0.071%)] ?[CAR(0.596%)] S[TCA(0.019%)] H[CAT(0.034%)] D[GAC(0.004%)] K[AAA(0.022%)] L[CTG(0.004%)] H[CAC(0.022%)] ?[CAM(0.034%)] ?[CWW(0.004%)] ?[YAA(0.004%)] ?[CAW(0.026%)] ?[CMM(0.015%)] ?[SAA(0.007%)] P[CCT(0.004%)] P[CCC(0.004%)] L[CTC(0.011%)] ?[CWM(0.004%)] R[CGA(0.004%)] R[CGC(0.004%)] T[ACA(0.004%)] ?[CRA(0.019%)] ?[CMA(0.004%)] *TAG(0.007%)] ?[CAV(0.004%)] ?[MAR(0.004%)] ?[CWA(0.007%)] R[AGA(0.004%)]	26844

El archivo de salida muestra la posición del AA codificado por cada codón analizado, si el cribado escogido es el 100%: los residuos encontrados (el codón y su porcentaje coloreado según el código de colores) y el número de secuencias válidas para cada posición. Si se escoge el cribado >75%, sólo se mostrará el codón más conservado bajo “Residuos” y con una frecuencia superior al 75%.

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

II. VARIABILIDAD II.2 CONSERVACIÓN II.2.B) CODONES