## VIH Mutaciones de Resistencia Adquiridas Individual

Permite obtener el porcentaje de mutaciones de resistencia adquiridas, respecto a una secuencia de referencia, a partir de secuencias de aminoácidos de las proteínas de Pol del VIH.



- ① Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de la proteína de Pol a analizar, traducidos en AA y alineados (1 archivo o varios).
- ② Seleccionar el tipo de MDR que se quiere analizar eligiendo entre mutaciones frente a IP (inhibidores de la proteasa), ITIAN (inhibidores de la transcriptasa inversa análogos de los nucleósidos), ITINAN (inhibidores de la transcriptasa inversa no análogos de los nucleósidos), INI (inhibidores de la integrasa) e ICA (inhibidores de la cápside).

Las MDR se resumen en https://cms.hivdb.org/prod/downloads/resistance-mutation-handout/resistance-mutation-handout.pdf (última actualización del 9-11-2024) de Stanford HIV Drug Resistance Database v9.7.

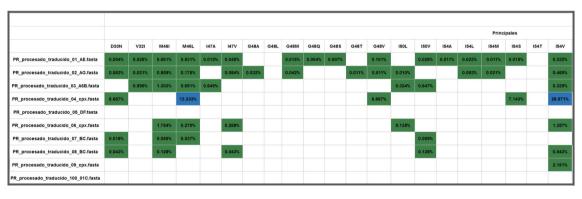
3 Seleccionar el formato de salida deseado eligiendo entre Lista, Tabla y Tabla resumen:

## Lista

Lista Mutaciones de Resistencia Adquiridas MDR-IP VIH-1 PR_procesado_traducido_01_AE.fasta				
Posición	Residuos	Posiciones Totales		
D30	D(99.985%) K(0.004%) N(0.004%*) G(0.007%)	26741		
V32	V(99.929%) A(0.015%) I(0.026%*) L(0.023%) E(0.008%)	26584		
M46	M(98.733%) I(0.661%*) L(0.531%*) V(0.064%) R(0.011%)	26764		
147	I(99.903%) K(0.015%) V(0.048%*) A(0.015%*) M(0.007%) R(0.007%) F(0.004%)	26814		
G48	G(99.828%) S(0.007%*) R(0.037%) V(0.101%*) M(0.015%*) I(0.004%) Q(0.004%*) E(0.004%)	26707		

Muestra las posiciones que presenten mutaciones con los residuos encontrados y su porcentaje, indicando las MDR con un asterisco (\*) y su clasificación en el título. Al final de cada línea aparece el número total de secuencias válidas para esa posición.

## Tabla



Muestra en la primera fila: el tipo de MDR según su clasificación. En la primera columna: el nombre de los archivos de entrada. En el resto de columnas aparece la MDR detectada con la celda coloreada según el porcentaje de aparición en cada archivo de entrada.

## Tabla Resumen

	labla Resumen Mutaciones de Resistencia	a Adquiridas MDR-IP VIH-1	
Archivo	MDR IP		
AICHIVO	Principales	Accesorias	Otras
PR_procesado_traducido_01_AE.fasta	D30N, V32I, M46IL, I47AV, G48MQSV, I50V, I54ALMSV, L76V, V82AFLMST, I84V, N88GS, L90M	L10F, K20T, L23I, L24FI, L33F, K43T, M46V, F53LY, Q58E, G73D\$TV, T74P, N83D, N88D, L89TV	L10IRVY, V11IL, K20IMR\ L33IV, A71ITV, T74\$, V82 I85V, L89IM
PR_procesado_traducido_02_AG.fasta	D30N, V32I, M46IL, I47V, G48AMTV, I50L, I54LMV, L76V, V82ACFLST, I84ACV, N88ST, L90M	L10F, K20T, L23I, L24I, L33F, K43T, M46V, F53LY, Q58E, G73AD\$V, T74P, N83D, N88D, L89TV	L10IRVY, V11IL, K20IMRV L33IV, A71ITV, T74S, V82 I85V, L89IM

Muestra en la primera columna: el nombre de los archivos de entrada empleados para generar el análisis, en la siguiente: el tipo de MDR según su clasificación, y bajo ésta: los residuos encontrados correspondientes a las MDR coloreados según su porcentaje.

El código de colores empleado para los porcentajes se puede consultar en el archivo de salida.

- 4 Seleccionar el tipo de VIH que se desea analizar eligiendo entre VIH-1 y VIH-2. El programa establece de forma automática la secuencia de referencia.
- ⑤ Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html.
- 6 Pulsar Calcular.

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

I. VIRUS I.1 VIH I.1.A) MUTACIONES DE RESISTENCIA (Mutaciones Individuales Adquiridas)

-página 9-