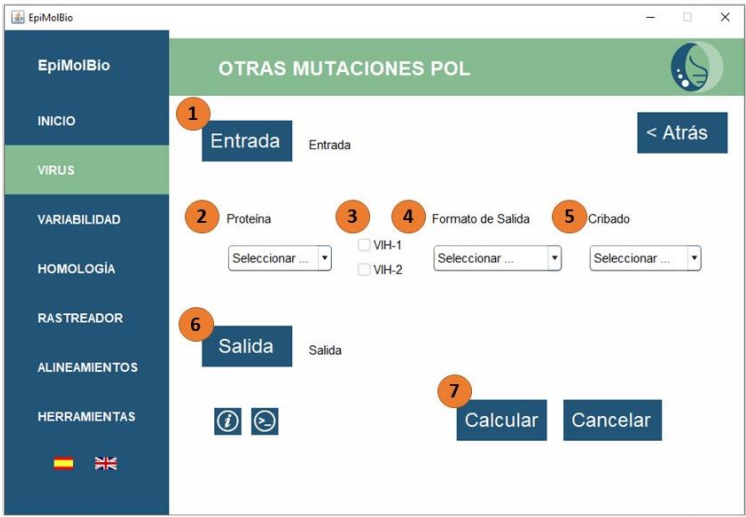


VIH Otras Mutaciones Pol

Permite la detección de cualquier mutación (no sólo MDR) del VIH-1 o VIH-2 a partir de secuencias de las proteínas de Pol obteniendo su porcentaje con respecto a la secuencia de referencia.



- 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 proteína que se quiere analizar eligiendo entre PR (proteasa), RT (transcriptasa inversa) e IN (integrasa).
- 3 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: HXB2 (NCBI K03455.1) para el VIH-1 y ALI (NCBI AF082339) para el VIH-2.
- 4 Seleccionar el formato de salida deseado eligiendo entre:

Lista (cribado 100% y >75%)

Lista Otras Mutaciones Pol Proteasa VIH-1 100%		
PR_procesado_traducido_01_AE.fasta		
Posición	Residuos	Posiciones Totales
P1	P(99.896%) S(0.078%) A(0.004%) L(0.007%) T(0.007%) H(0.004%) V(0.004%)	26838
Q2	Q(99.782%) E(0.071%) S(0.019%) H(0.056%) D(0.004%) K(0.023%) L(0.015%) P(0.008%) R(0.011%) T(0.004%) *(0.008%)	26649
V3	I(99.858%) V(0.078%) N(0.015%) L(0.041%) T(0.007%)	26831
T4	T(99.858%) M(0.004%) I(0.048%) N(0.019%) P(0.022%) S(0.034%) F(0.004%) A(0.007%) H(0.004%)	26816
L5	L(99.888%) F(0.075%) V(0.015%) S(0.004%) R(0.007%) I(0.007%) T(0.004%)	26780
W6	W(99.929%) G(0.030%) R(0.022%) *(0.007%) C(0.011%)	26836

Muestra las posiciones con su aminoácido de referencia, seguido de los residuos encontrados para esa posición según el cribado que se haya aplicado y su porcentaje de aparición coloreado según el código de colores. Al final de cada línea aparece el número total de secuencias válidas para esa posición.

Tabla (cribado por defecto >75%)

Archivo																					
	P1	Q2	V3	T4	L5	W6	Q7	R8	P9	L10	V11	T12	I13	K14	I15	G16	G17	Q18	L19	K20	E21
PR_procesado_traducido_01_AE.fasta			I																		
PR_procesado_traducido_02_AG.fasta			I										V							I	
PR_procesado_traducido_03_A6B.fasta			I																		
PR_procesado_traducido_04_cpx.fasta			I																		
PR_procesado_traducido_05_DF.fasta			I																		
PR_procesado_traducido_06_cpx.fasta			I										V							I	
PR_procesado_traducido_07_BC.fasta			I																		
PR_procesado_traducido_08_BC.fasta			I									S			V				I		
PR_procesado_traducido_09_cpx.fasta			I										V								

En la primera columna muestra el nombre de los archivos de entrada empleados para generar la tabla. En la primera fila, el nombre de la proteína analizada y debajo, cada una de las posiciones con su aminoácido de referencia y el residuo mutado con la celda coloreada según el código de colores, indicando el porcentaje de aparición para esa posición según el cribado >75%.

Tabla Resumen (cribado por defecto >75%)

Tabla Resumen Otras Mutaciones Pol Proteasa VIH-1 > 75%		
Archivo	Residuos	Secuencias Totales
PR_procesado_traducido_01_AE.fasta	V3I, E35D, M36I, S37N, R41K, H69K, L89M	26849
PR_procesado_traducido_02_AG.fasta	V3I, I13V, K20I, M36I, R41K, H69K, L89M	9577
PR_procesado_traducido_03_A6B.fasta	V3I, E35D, M36I, S37N, R41K, H69K, L89M	310

Muestra en la primera columna el nombre de los archivos de entrada. En la siguiente columna, cada una de las posiciones con su aminoácido de referencia y el residuo mutado coloreado el porcentaje de aparición para esa posición con un cribado >75%. En la tercera columna aparece el número de secuencias totales de cada archivo de entrada.

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

- 5 Si se escoge “Lista”, seleccionar el cribado deseado: >75% o 100%.
- 6 Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html.
- 7 Pulsar Calcular.

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

I. VIRUS I.1 VIH I.1.B) OTRAS MUTACIONES POL