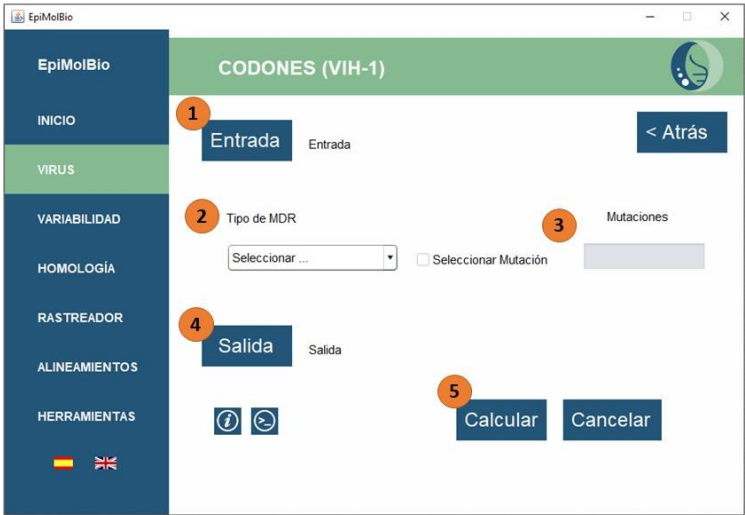


VIH Mutaciones de Resistencia Codones

Permite obtener el porcentaje de codones que al traducirse generan mutaciones de resistencia (MDR) respecto a una secuencia de referencia, a partir de secuencias de nucleótidos de Pol del VIH-1.



- ① Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de la proteína de *pol* a analizar, en NT 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 nucleós/tidos), ITINAN (inhibidores de la transcriptasa inversa no análogos de los nucleós/tidos) e INI (inhibidores de la integrasa).
- ③ Opcionalmente, en lugar de analizar la secuencia completa, se pueden buscar mutaciones específicas en uno o varios codones. Para ello marcar la casilla “Seleccionar Mutación” y escribir en la caja de “Mutaciones” una o varias MDR en AA. Si son varias, separarlas por “,” y sin espacios.
- ④ Salida: si no se ha marcado “Seleccionar Mutación”, seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html. De lo contrario, seleccionar la carpeta de salida sin nombrar el archivo, éste se nombrará automáticamente con la MDR que se haya introducido en la caja “Mutaciones”, generándose un archivo por MDR introducida.
- ⑤ Pulsar Calcular.

Mutaciones de Resistencia Codones MDR-IP		
PR_procesado_01_AE.fasta		
MDR-IP Principales		
Posición	Residuos	Codones Totales
D30N	D[GAT(98.484%)] ?[GAY(0.339%)] D[GAC(1.114%)] ?[RAK(0.007%)] K[AAG(0.004%)] N[AAT*(0.004%)] ?[RAT(0.004%)] ?[GAK(0.004%)] ?[GRT(0.022%)] ?[GAW(0.004%)] ?[GMT(0.004%)] ?[GWT(0.004%)] G[GGT(0.007%)]	26845
V32I	V[GTA(95.128%)] V[GTG(3.356%)] V[GTC(0.253%)] ?[GTR(0.756%)] ?[GTM(0.082%)] ?[GTW(0.063%)] V[GTT(0.205%)] ?[GTY(0.007%)] A[GCA(0.015%)] I[ATA*(0.026%)] ?[RTA(0.004%)] ?[GTD(0.007%)] L[TTA(0.015%)] ?[KTA(0.011%)] ?[GWA(0.026%)] E[GAA(0.007%)] ?[GYA(0.015%)] L[CTA(0.007%)] ?[STA(0.004%)] ?[KTW(0.004%)] ?[GKA(0.007%)]	26849

El archivo de salida es una tabla que muestra las posiciones con MDR. Aparecen todos los residuos encontrados para cada posición junto al codón que los codifica y el porcentaje de aparición de dicho codón coloreado según el código de colores. Las MDR están indicadas con un asterisco (\*). Los codones no codificantes estarán indicados con una interrogación (?). Al final de cada línea aparece el número total de secuencias válidas para esa posición que están presentes en el archivo analizado.

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

I. VIRUS I.1 VIH I.1.A) MUTACIONES DE RESISTENCIA (Codones)