

VIH Conservación Pol

Genera una tabla con el aminoácido más prevalente y su porcentaje, permitiendo conocer el residuo más conservado para cada posición de la proteína Pol seleccionada.

- 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.
- 4. Seleccionar la carpeta de salida e introducir el nombre del archivo de la siguiente manera: /NOMBRE.html.
- 5. Pulsar Calcular.

Conservación Pol Proteasa VIH-1 > 75%		
PR_procesado_traducido_01_AE.fasta		
CONSENSO	PQITLWQRPLVTVKIGGQLKEALLDTGADDDTVLEDINLPKWKPKMIGGIGGFIKVRQYDQILIEICGKKAIGTVLVGPTPVNIIGRNMLTQIGCTLNF	
Posición	Residuos	Posiciones Totales
P1	P(99.896%)	26838
Q2	Q(99.782%)	26649
V3	I(99.858%)	26831
T4	T(99.858%)	26816

La salida muestra el nombre del archivo de entrada. Debajo, la secuencia consenso para cada archivo con los residuos coloreados según su porcentaje siguiendo el código de colores. Finalmente, se muestra la tabla con todas las posiciones de la proteína analizada, el aminoácido más conservado para cada posición (siempre que su frecuencia de aparición sea > 75%), su porcentaje coloreado según el código de colores, y el número total de secuencias válidas para esa posición.

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

I. VIRUS I.1 VIH I.1.C) CONSERVACIÓN POL