

Variabilidad Polimorfismos Individuales

“Posiciones Mutadas” y “Tabla de Mutaciones” permiten la detección de polimorfismos informando de su localización y frecuencia de aparición utilizando como referencia cualquier secuencia introducida por el usuario.

“Marcadores” permite detectar las mutaciones exclusivas de cada archivo en comparación al resto de archivos introducidos como entrada.

“Mutaciones Múltiples” permite detectar y conocer la frecuencia de aparición de combinaciones de mutaciones.

“Mutaciones por Posición” permite detectar y conocer la frecuencia de aparición de residuos en una posición o varias posiciones combinadas.



1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar, en NT o AA, excepto Marcadores y Mutaciones Múltiples (sólo en AA). Para realizar el análisis en secuencias de nucleótidos será necesario emplear la herramienta Buscar y Reemplazar de Edición de Archivos y sustituir las “N” por “?” para que estas se excluyan del análisis.

2 Seleccionar el formato de salida, eligiendo entre **Posiciones Mutadas**, **Tabla Mutaciones**, **Marcadores**, **Mutaciones Múltiples** o **Mutaciones por posición**.

8 Los formatos de salida **Tabla de Mutaciones**, **Mutaciones Múltiples** y **Mutaciones por Posición** permiten que el archivo de entrada contenga subcarpetas. Marcar “Subcarpetas” si se desea analizar un archivo de entrada con subcarpetas.

Para Posiciones Mutadas:

Variabilidad Polimorfismos Individual Todas las Posiciones		
PR_01_AE.fasta		
Posición	Residuos	Posiciones Totales
P1	P(99.898%) 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(99.859%) V(0.078%) N(0.015%) L(0.041%) T(0.007%)	26831
T4	T(99.859%) 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
WS	W(99.929%) G(0.030%) R(0.022%) *(0.007%) C(0.011%)	26836

La salida **Posiciones Mutadas** es una tabla .html que muestra: el aminoácido o nucleótido de referencia y su posición en la secuencia, el residuo encontrado junto a su porcentaje de aparición coloreado según el código de colores y el número total de secuencias válidas para esa posición.

- 4 Introducir la secuencia de referencia sin saltos de línea.
- 5 Introducir un valor mínimo para filtrar mutaciones a partir de una frecuencia determinada (ej: 90.0). Si se deja vacío, mostrará todas las mutaciones.
- 6 Para buscar mutaciones concretas: introducir las posiciones que se quieran buscar separadas por “,” sin espacios (ej: 63,69). Para ver la lista completa de polimorfismos, dejar el campo vacío.
- 7 Seleccionar “Posiciones Mutadas” para ver sólo mutaciones o “Todas las Posiciones” para ver también las de referencia.

Para Tabla de Mutaciones:

	A	B	C	D	E	F	G
1	Archivo	Número_Secuencias	Referencia	Posición	Cambio	Porcentaje	Secuencias_Mutadas
2	PR_01_AE.fasta	23710	P	1	S	0.08%	19
3	PR_01_AE.fasta	23710	P	1	A	0.00%	1
4	PR_01_AE.fasta	23710	P	1	L	0.00%	1
5	PR_01_AE.fasta	23710	P	1	T	0.00%	1
6	PR_01_AE.fasta	23710	P	1	H	0.00%	1
7	PR_01_AE.fasta	23710	P	1	V	0.00%	1
8	PR_01_AE.fasta	23545	Q	2	E	0.05%	12
9	PR_01_AE.fasta	23545	Q	2	S	0.02%	5
10	PR_01_AE.fasta	23545	Q	2	H	0.07%	16
11	PR_01_AE.fasta	23545	Q	2	D	0.00%	1
12	PR_01_AE.fasta	23545	Q	2	K	0.03%	6
13	PR_01_AE.fasta	23545	Q	2	L	0.02%	4
14	PR_01_AE.fasta	23545	Q	2	R	0.01%	2
15	PR_01_AE.fasta	23545	Q	2	*	0.01%	2
16	PR_01_AE.fasta	23704	V	3	I	99.97%	23674
17	PR_01_AE.fasta	23704	V	3	N	0.02%	4
18	PR_01_AE.fasta	23704	V	3	L	0.03%	6
19	PR_01_AE.fasta	23704	V	3	F	0.00%	1
20	PR_01_AE.fasta	23704	V	3	T	0.00%	1
21	PR_01_AE.fasta	23692	T	4	M	0.00%	1
22	PR_01_AE.fasta	23692	T	4	I	0.05%	13
23	PR_01_AE.fasta	23692	T	4	N	0.02%	4
24	PR_01_AE.fasta	23692	T	4	P	0.02%	5
25	PR_01_AE.fasta	23692	T	4	S	0.04%	9
26	PR_01_AE.fasta	23692	T	4	F	0.00%	1
27	PR_01_AE.fasta	23692	T	4	A	0.00%	1

La salida **Tabla de Mutaciones** es una tabla .csv que contiene: el nombre del archivo de entrada, el número de secuencias totales para cada archivo, el residuo de referencia, las posiciones donde se han detectado mutaciones, el cambio detectado, la frecuencia de aparición del cambio detectado y el número total de secuencias mutadas.

- 4 Introducir la secuencia de referencia sin saltos de línea.
- 5 Introducir un valor mínimo para filtrar mutaciones a partir de una frecuencia determinada (ej: 90.0). Si se deja vacío, mostrará todas las mutaciones.
- 6 Para buscar mutaciones concretas: introducir las mutaciones que se quieran buscar separadas por “,” y sin espacios (ej: M63I,H69K). Para ver la lista completa de polimorfismos, dejar el campo vacío.
- 7 Seleccionar “Posiciones Mutadas” para ver sólo mutaciones o “Todas las Posiciones” para ver también las de referencia.

Para **Marcadores**:

Variabilidad Polimorfismos Individual Marcadores >= 90%		
Archivo	Marcadores	Secuencias Totales
PR_107_01B.fasta	Q92K	4
PR_108_BC.fasta	T74S	15
PR_112_01B.fasta	L63M	5

La salida **Marcadores** es una tabla .html que contiene: el nombre del archivo de entrada, los marcadores detectados coloreados según su frecuencia de aparición y el número total de secuencias analizadas.

3 Elegir la frecuencia de aparición de los marcadores: >75% o ≥90%.

4 Introducir la secuencia de referencia sin saltos de línea.

Para **Mutaciones Múltiples**:

	A	B	C	D
1	Archivo	Número Secuencias	M46I/V32I	Frecuencia
2	PR_01_AE.fasta	26504	2	0.008
3	PR_02_AG.fasta	9418	0	0
4	PR_03_A6B.fasta	300	1	0.333
5	PR_04_cpx.fasta	15	0	0
6	PR_05_DF.fasta	24	0	0
7	PR_06_cpx.fasta	732	0	0
8	PR_07_BC.fasta	10819	0	0
9	PR_08_BC.fasta	2326	0	0
10	PR_09_cpx.fasta	91	0	0
11	PR_100_01C.fasta	5	0	0
12	PR_101_01B.fasta	4	0	0

La salida **Mutaciones Múltiples** es una tabla .csv que contiene el nombre del archivo analizado, el número de secuencias válidas por archivo, el número de veces que aparecen las mutaciones combinadas y su frecuencia.

6 Introducir las mutaciones combinadas que se quieran buscar separadas por “,” y sin espacios (ej: D614G,A222V).

Para **Mutaciones por Posición**:

	A	B	C	D	E
1	Archivo	Residuos (12,15,17)	Número Mutaciones	Frecuencia	Número Secuencias
2	PR_01_AE.fasta	AIG	289	1.134	25494
3	PR_01_AE.fasta	AVG	48	0.188	25494
4	PR_01_AE.fasta	HIG	1	0.004	25494
5	PR_01_AE.fasta	IIG	70	0.275	25494
6	PR_01_AE.fasta	ILG	1	0.004	25494

La salida **Mutaciones por Posición** es una tabla .csv que contiene el nombre del archivo de entrada, la combinación de residuos detectados en las posiciones introducidas, el número de veces que aparece cada combinación, la frecuencia de aparición de la combinación y el número de secuencias válidas para esas posiciones.

6 Introducir las posiciones que se quieran analizar separadas por “,” y sin espacios (ej: 9,22,30).

9 Seleccionar la carpeta de salida y nombrar el archivo según el Formato de Salida escogido: **Posiciones Mutadas** y **Marcadores** se guardan en un archivo .html. **Tabla de Mutaciones**, **Mutaciones Múltiples** y **Mutaciones** por Posición se guardan en un archivo .csv.

10 Pulsar Calcular

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

II. VARIABILIDAD II.1 POLIMORFISMOS II.1.A) INDIVIDUAL