

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 25-10-2022) de Stanford HIV Drug Resistance Database v9.5.

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		
MDR-IP PRINCIPALES		
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
I47	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

	Principales															
	D30N	V32I	M46I	M46L	I47A	I47V	G48A	G48L	G48M	G48Q	G48S	G48T	G48V	I50L	I50V	I54A
PR_procesado_traducido_01_AE.fasta	0.004%	0.028%	0.661%	0.831%	0.018%	0.048%			0.018%	0.004%	0.007%		0.101%		0.028%	0.011%
PR_procesado_traducido_02_AG.fasta	0.002%	0.021%	0.669%	0.178%		0.084%	0.032%	0.042%				0.011%	0.011%	0.010%		0.002%
PR_procesado_traducido_03_A6B.fasta		0.990%	1.303%	0.661%	0.649%									0.324%	0.647%	
PR_procesado_traducido_04_cpx.fasta	0.667%			10.353%									0.667%			7.143%
PR_procesado_traducido_05_DF.fasta																
PR_procesado_traducido_06_cpx.fasta			1.764%	0.270%		0.368%							0.138%			1.387%
PR_procesado_traducido_07_BC.fasta	0.018%		0.059%	0.037%										0.009%		
PR_procesado_traducido_08_BC.fasta	0.043%		0.128%			0.042%								0.128%		
PR_procesado_traducido_09_cpx.fasta																0.042%
PR_procesado_traducido_100_01C.fasta																2.181%

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

Tabla Resumen Mutaciones de Resistencia Adquiridas MDR-IP VIH-1			
Archivo	MDR IP		
	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, G73DSTV, T74P, N83D, N88D, L89TV	L10IRVY, V11IL, K20IMRV, L33IV, A71ITV, T74S, V82I, 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, G73ADSV, T74P, N83D, N88D, L89TV	L10IRVY, V11IL, K20IMRV, L33IV, A71ITV, T74S, V82I, 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)