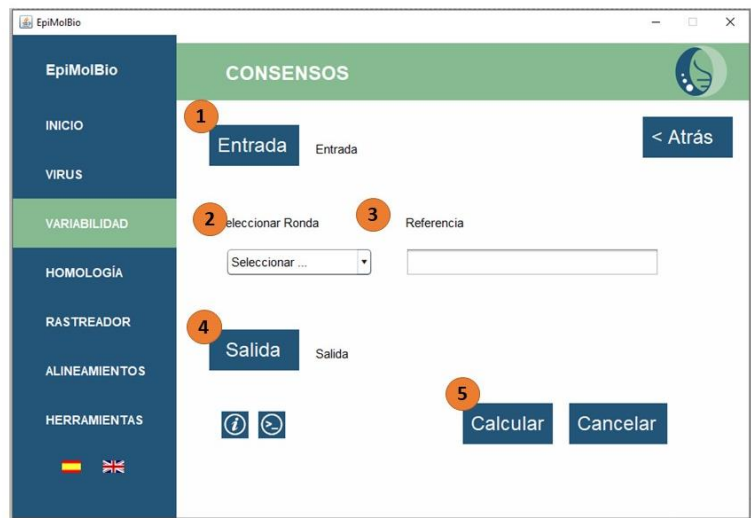


Variabilidad Consensos

Permite obtener secuencias consenso y consensos de consenso realizando varias rondas de análisis.



Ronda 1:

- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de las secuencias a analizar alineadas en NT o AA (1 archivo o varios).
- 2 Seleccionar “Ronda 1”.
- 3 Introducir la secuencia de referencia en letras sin saltos de línea.
- 4 Seleccionar la carpeta de salida. Se generará un archivo .txt llamado “Consensos”
- 5 Pulsar Calcular.

Rondas sucesivas:

- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente el archivo .txt generado en la ronda 1.
- 2 Seleccionar “Rondas Sucesivas”.
- 3 Introducir la secuencia de referencia en letras sin saltos de línea.
- 4 Seleccionar la carpeta de salida. Se generará un archivo .txt y un archivo .html.
- 5 Pulsar Calcular.

Variabilidad Consensos															
Referencia	P	Q	V	T	L	W	Q	R	P	L	V	T	I	K	I
Posición	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Residuo	P	Q	I	T	L	W	Q	R	P	L	V	T	I	K	I
Conservación	99.867	99.880	99.037	98.725	99.810	99.946	98.497	99.882	99.987	76.744	97.137	78.090	50.465	74.586	61.991
Número de Secuencias	146	146	146	146	146	146	146	146	146	146	146	146	146	146	146

El archivo .html es una tabla con el consenso obtenido tras el análisis que muestra la secuencia de referencia, las posiciones de cada residuo, el residuo consenso y su porcentaje de conservación con las celdas coloreadas según el código de colores, y el número de secuencias válidas para cada posición.

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

II. VARIABILIDAD II.3 CONSENSOS