VIH Mutaciones de Resistencia Transmitidas Individual

Permite obtener el porcentaje de mutaciones de resistencia transmitidas, respecto a una secuencia de referencia, a partir de secuencias de aminoácidos de las proteínas de Pol del VIH-1.



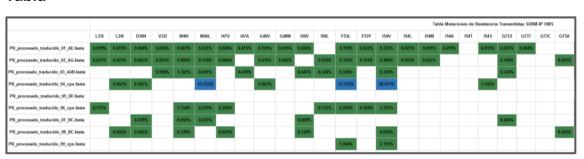
- 1 Seleccionar la carpeta de entrada. Debe contener únicamente los archivos .fasta de la proteína de Pol a analizar, traducidos en AA y alineados (1 archivo o varios).
- 2 Seleccionar el tipo de SDRM que se quiere analizar eligiendo entre mutaciones frente a IP (inhibidores de la proteasa), ITIAN (inhibidores 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 Seleccionar el formato de salida deseado eligiendo entre:

Lista

Lista Mutaciones de Resistencia Transmitidas SDRM-IP OMS PR_procesado_traducido_01_AE.fasta		
L23	L(99.935%) I(0.019%*) F(0.015%) V(0.019%) Q(0.004%) P(0.004%) S(0.004%)	26251
L24	L(99.940%) I(0.015%*) V(0.019%) S(0.019%) F(0.007%)	26714
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

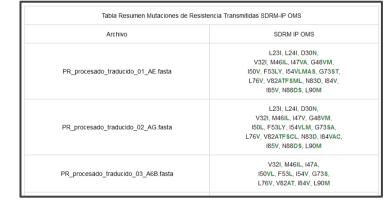
Muestra las posiciones que presenten mutaciones con los residuos encontrados y su porcentaje, indicando las SDRM con un asterisco (*). Al final de cada línea aparece el número total de secuencias válidas para esa posición.

Tabla



Muestra en la primera fila: el tipo de SDRM. En la primera columna: el nombre de los archivos de entrada. En el resto de columnas aparece la SDRM detectada con la celda coloreada según el porcentaje de aparición en cada archivo de entrada.

Tabla Resumen



Muestra en la primera columna el nombre de los archivos de entrada. En la siguiente, el tipo de SDRM, y bajo ésta los residuos encontrados que corresponden a las SDRM coloreados según su porcentaje.

El código de colores empleado para los porcentajes se puede consultar en el archivo de salida.

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

(5) 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 Transmitidas)

-página 9-