Название программы для ЭВМ: Сервис анализа консенсусных последовательностей гена pol ВИЧ-1

Реферат:

Программа предназначена для выявления мутаций во фрагментах гена pol ВИЧ-1, кодирующих протеазу и обратную транскриптазу, относительно референса ВИЧ-1 HXB2, с разделением на ранее описанные и нетипичные мутации.

Программа реализована в виде web-сервиса с формой загрузки консенсусной последовательности, выравненной на одну из предлагаемых референсных последовательностей и отчетом пользователя, содержащим сведения отдельно для протеазы и обратной транскриптазы, с указанием какие именно мутации являются ранее описанными или редкими относительно HXB2 ВИЧ-1.

Серверная часть:

Тип ЭВМ: PC-совместимый

Языки: Python 3.7, SQL, HTML

ОС: Linux,у MS Windows 7/8/8.1/10/11

Объём программы: 1354 Kб

Клиентская часть:

ПЭВМ или мобильное устройство с браузером и доступом в интернет