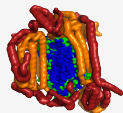
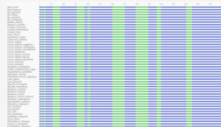


Datos



Datos estructurales



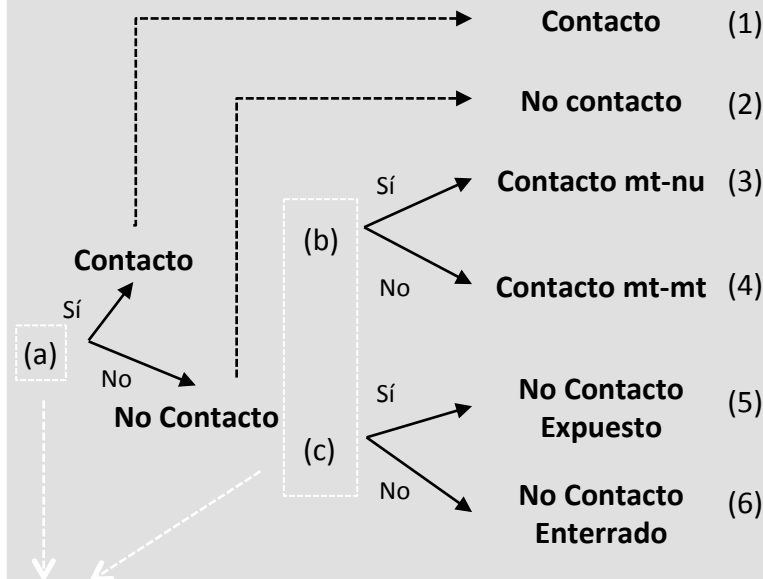
Datos genéticos
(alineamientos)



ClustalW



Segregación de alineamientos



Análisis

$$\Sigma d_{N1}, RER_1$$

$$\Sigma d_{N2}, RER_2$$

$$\Sigma d_{N3}, RER_3$$

$$\Sigma d_{N4}, RER_4$$

$$\Sigma d_{N5}, RER_5$$

$$\Sigma d_{N6}, RER_6$$

Contraste

¿Se alejan los resultados de lo esperado por azar?

Criterio de clasificación	¿El residuo para el que codifica ...	<p>(a) ... se encuentra próximo ($< 4\text{\AA}$) a una cadena distinta a la que pertenece?</p> <p>(b) ... contacta con otro que está codificado por un genoma distinto?</p> <p>(c) ... está expuesto al solvente ($\%ASA > 5\%$)?</p>
---------------------------	--------------------------------------	--