

Manual de Usuario - Paquete de Análisis de Influenza

Este manual describe el uso del paquete de análisis de secuencias genéticas del virus de la influenza. El paquete permite el cálculo de contenido GC y TA, aplicación de mutaciones, traducción a proteínas, creación de árboles filogenéticos y análisis con BLAST.

1. Instalación

Para instalar las dependencias necesarias, ejecute el siguiente comando:

```
pip install biopython pandas seaborn matplotlib numpy
```

2. Uso del Paquete

2.1 Cálculo de Contenidos GC y TA

Para calcular el contenido GC y TA de una secuencia de ADN, utilice:

```
from conteo_gc_ta import gc_content, ta_content

gc = gc_content(sequence)

ta = ta_content(sequence)
```

2.2 Aplicación de Mutaciones

Para aplicar mutaciones en una secuencia, utilice:

```
from mutations_insertion import aplicar_mutaciones

mut_seq, start, end = aplicar_mutaciones(sequence, tipo='transicion')
```

2.3 Traducción de Secuencias

Para traducir una secuencia de ADN a proteína, utilice:

```
from new_proteins import traducir_secuencia

proteina = traducir_secuencia(sequence)
```

2.4 Análisis BLAST

Para realizar un análisis BLAST, utilice:

```
from Blastn_analyze import blast_verification  
  
blast_verification('query.fasta', 'database.fasta', 'resultado.txt')
```

2.5 Generación de Árbol Filogenético

Para generar un árbol filogenético, utilice:

```
from phylogenetic_creator import phylogenetic_tree  
  
phylogenetic_tree('secuencias.phy', 'path/iqtree.exe')
```

3. Contacto

Para dudas o mejoras en el paquete, contactar al equipo de desarrollo.