

# Reporte de calidad transcriptoma *Penaeus monodon*

## Comparación de número de lecturas entre datos crudos y limpiezas

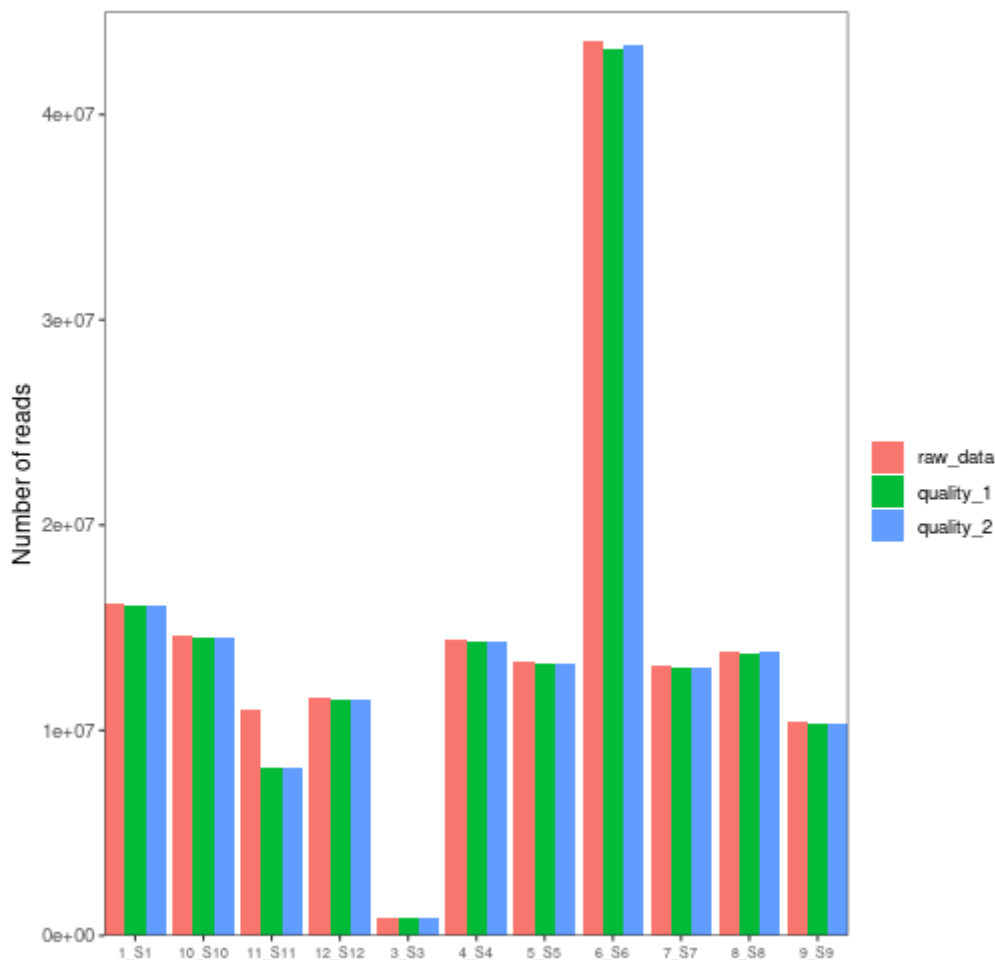
La prueba 1 con *Trimmomatic* incluyó los siguientes parámetros:

1. Remoción de adaptadores y N's
2. Calidad por ventanas de 6 bases de longitud y  $Q > 20$

La prueba 2 con *Trimmomatic* incluyó los siguientes parámetros:

1. Remoción de adaptadores y N's
2. Calidad promedio de toda la lectura  $Q > 20$

No se ve que existan diferencias entre los dos tratamientos con *Trimmomatic*, solamente hay una muestra que está rara porque hay un archivo incompleto en la carpeta (la 11\_S11).

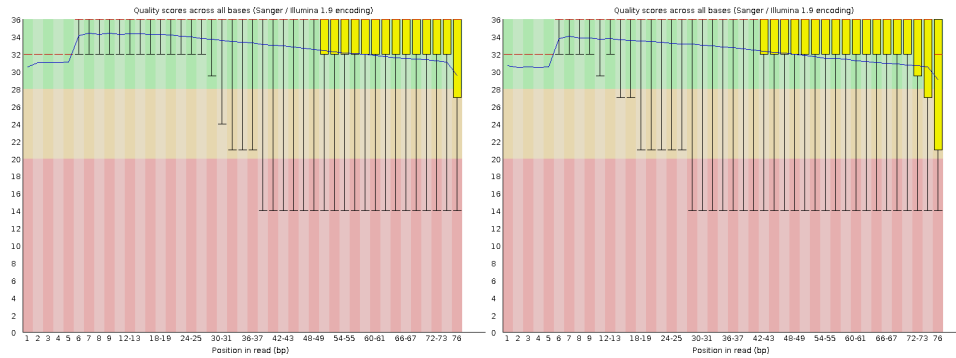


Como se puede ver más adelante, con los dos tratamientos de calidad se mejora la calidad por base a lo largo de todas las lecturas, sin embargo no se pudo mejorar la distribución de nucleótidos al inicio y al final de las lecturas (primeras 14 bases y últimas dos bases).

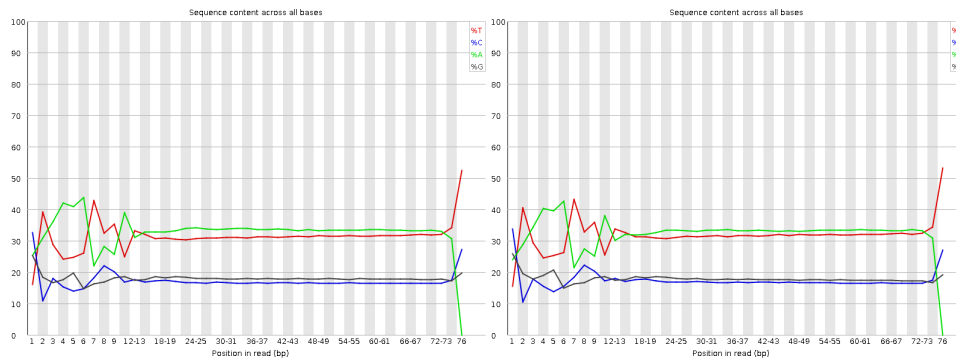
# *fastqc* de los datos crudos

Ejemplo con la muestra 1\_S1:

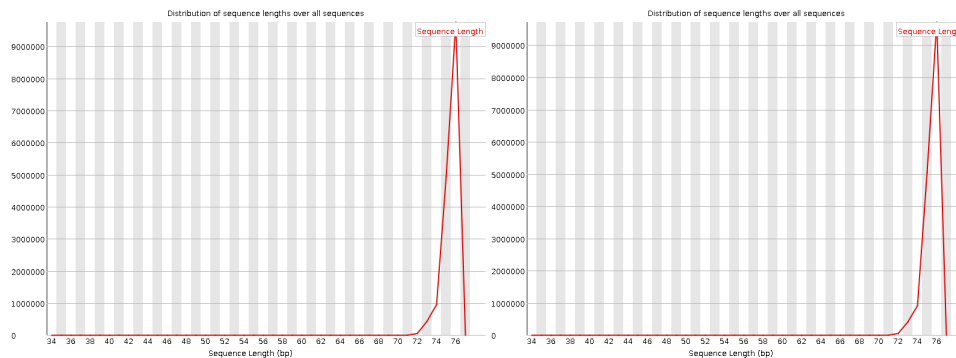
## Calidad por base, R1 (izquierda) y R2 (derecha):



## Distribución de nucleótidos, R1 (izquierda) y R2 (derecha):



## Longitud de lecturas, R1 (izquierda) y R2 (derecha):



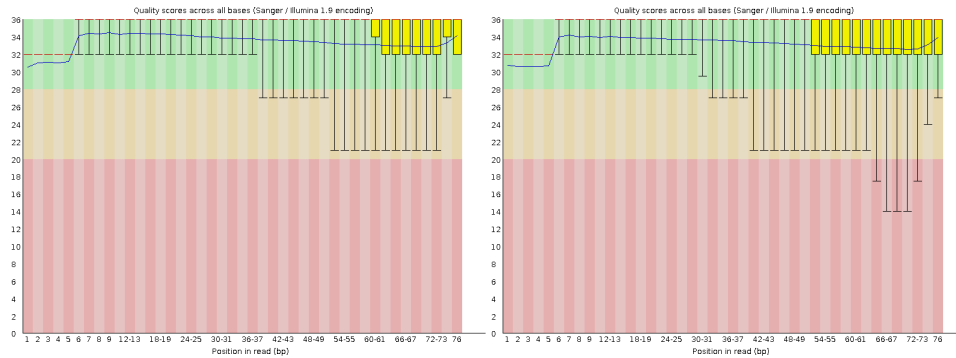
# Prueba 1 de limpieza con *Trimmomatic*

La prueba incluía lo siguientes parámetros:

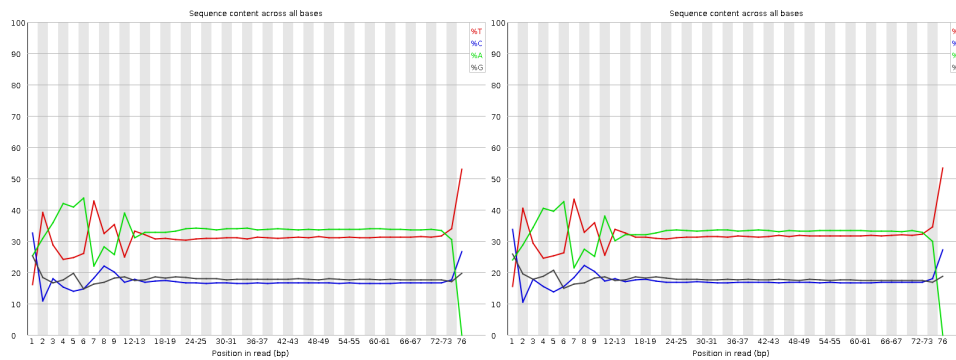
1. Remoción de adaptadores y N's
2. Calidad por ventanas de 6 bases de longitud y  $Q > 20$

Ejemplo con la muestra 1\_S1:

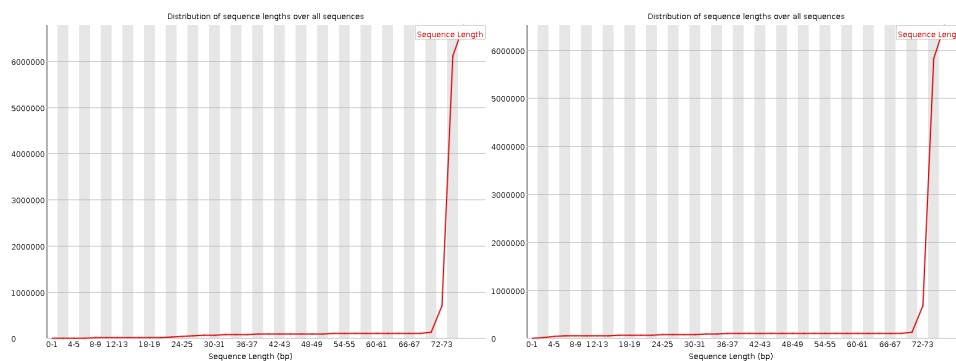
## Calidad por base, R1 (izquierda) y R2 (derecha)



## Distribución de nucleótidos, R1 (izquierda) y R2 (derecha):



## Longitud de lecturas, R1 (izquierda) y R2 (derecha):



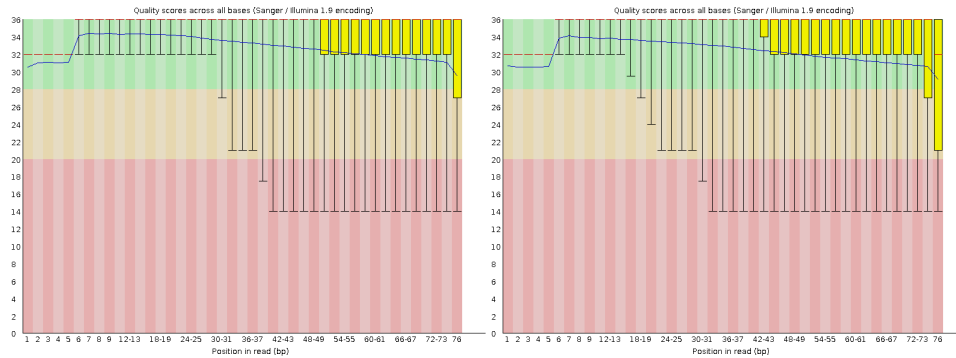
# Prueba 2 de limpieza con *Trimmomatic*

La prueba incluía lo siguientes parámetros:

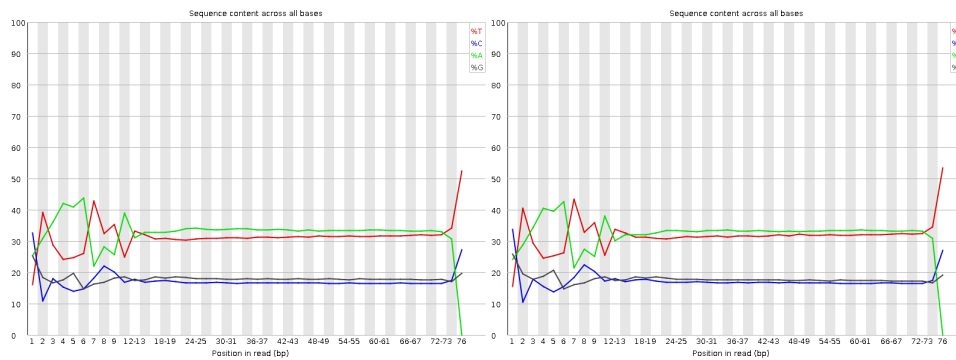
1. Remoción de adaptadores y N's
2. Calidad promedio Q > 20

Ejemplo con la muestra 1\_S1:

## Calidad por base, R1 (izquierda) y R2 (derecha):



## Distribución de nucleótidos, R1 (izquierda) y R2 (derecha):



## Longitud de lecturas, R1 (izquierda) y R2 (derecha):

