

readme__purge__recomb.Rmd

karine Durand

9 mai 2019

Charger le script 1-tract__recombinant__2019.R

Ce script utilise en entrée un l'alignement utilisé dans ClonalFrame, et le fichier out de clonal frame :resultpaucamultil pour générer un tableau tableau_position.txt ("cluster" "start" "end" "size" "node") et recombinant_tracts.fasta (>cluster29|31517:32345|strain15 + seq)

Ne pas oublier d'indiquer le chemin avec source pour charger le script CFoutputAnalysis_Functions.R

Charger le script 2-remplacer__recombinant__site__2019.R

Ce script utilise en entrée les premieres lignes > du fichier recombinant_tracts.fasta et en sortie on obtient les sequences des souches recombinantes avec les sites recombinants remplacé par des "R" = name_MODIFIED.fasta

Charger le script 3-SNP2019.R

Remplacer les sequences des souches recombinantes dans l'alignement par les sequences name_MODIFIED.fasta, puis charger cet alignement qui comporte des "R" a la place des sites recombinants dans le script 3-SNP2019.R. On obtient en sortie un alignement SNP purgé des sites recombinants