

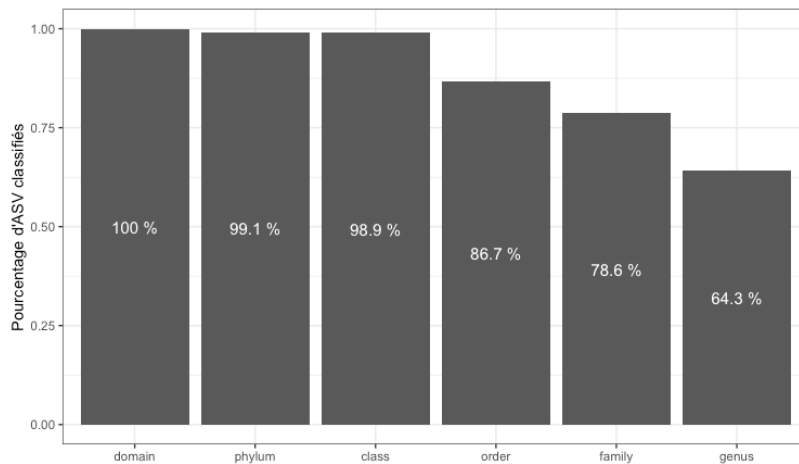
Traitement des RAW et classification archées et eucaryotes

Archées :

Problème lié au séquençage du fragment complet. Le fragment fait 575pb ce qui empêche tout découpage pour garder 2 fragments ayant une partie cohésive. Cependant les reads sont de mauvaise qualité en raison d'un nombre d'amplification important et d'une faible quantité de séquence archée dans l'échantillon de départ. On essaie donc en conservant uniquement le brin Forward qui est de meilleure qualité.

- Brins Forward et Reverse.

Nb ASV classifiés comme « Archea » : 931 sur 4094 soit 22,7% (SILVA seul)

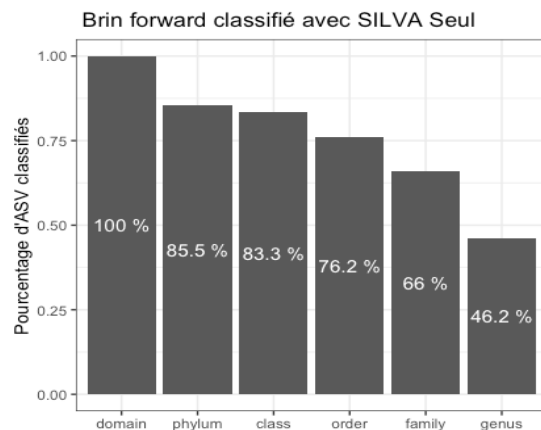
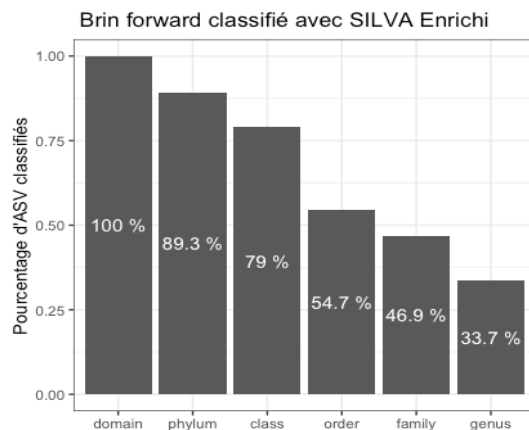


Pourcentage de séquences classifiées pour chaque niveau avec les 2 brins archés

- Brin Forward uniquement cut à 200 pb.

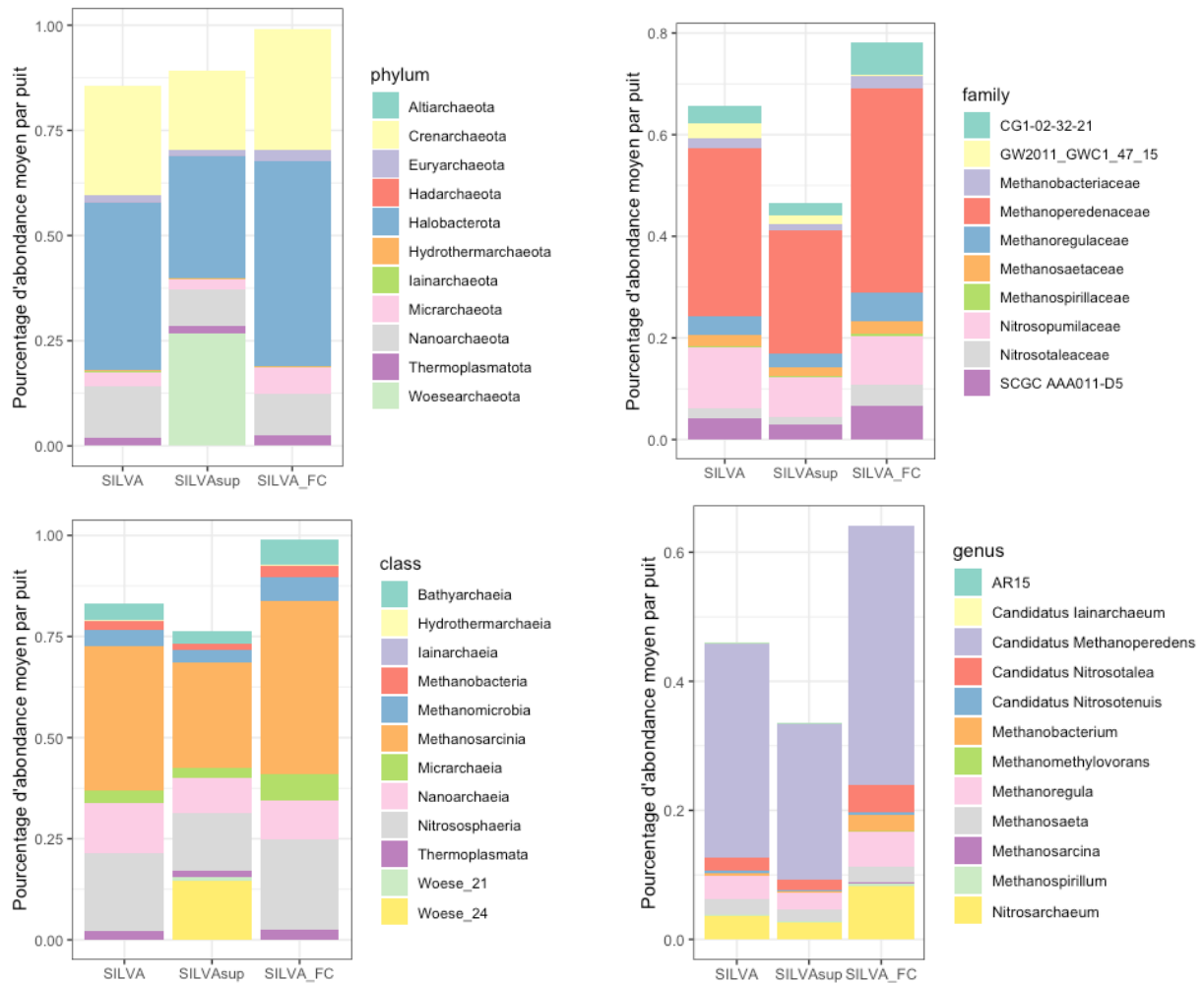
Nb ASV classifiés comme « Archea » : 1784 sur 5396 soit 33,1% (SILVA)

Nb ASV classifiés comme « Archea » : 2669 sur 5396 soit 49,5% (SILVA Enrichi)

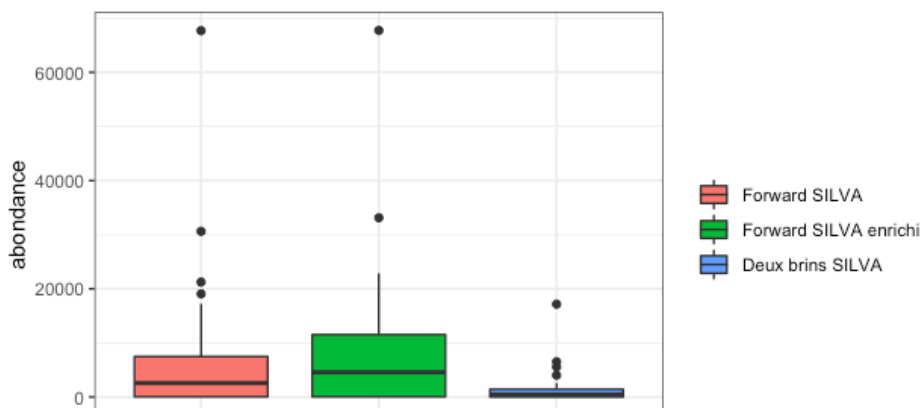


Pourcentage de séquences classifiées pour chaque niveau taxonomique avec 200pb du brin forward archés

Traitement des RAW et classification archées et eucaryotes



Comparaison de la taxonomie majoritaire
200 pb du brin forward et uniquement SILVA (SILVA)
200 pb du brin forward et SILVA enrichi (SILVAsup)
Brins complet et SILVA seul (SILVA_FC)



Distribution de
l'Abondance de
séquences par
échantillon.

Nette
Augmentation avec
le brin forward et la
classification SILVA
enrichi

Traitement des RAW et classification archées et eucaryotes

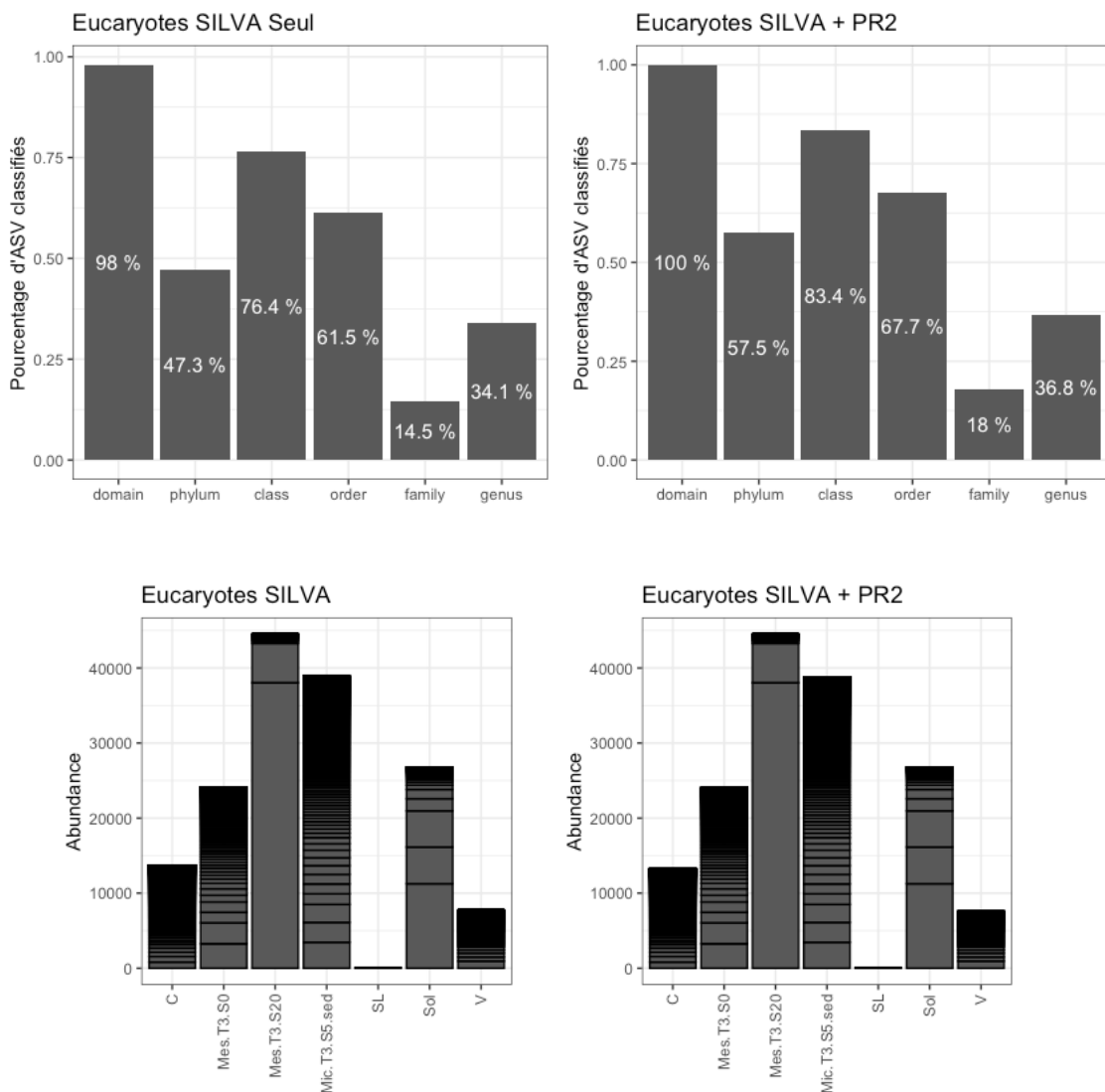
Eucaryotes : On classe d'abord avec Silva puis on reclassifie avec PR2 formatée manuellement pour être utilisée avec idTAXA. La base de données de Sofia ne peut être fusionnée car elle présente des doublons avec la base pr2. Les ASV reclassifiés sont ceux étant non identifiés à la **classe et au phylum**.

Les niveaux taxonomiques conservés sur la base de données sont domaine, phylum, classe, ordre, famille, genre. (d,p,c,o,f,g)

Nb ASV classifié comme Eucaryotes : 796 sur 836 soit 95,2 % (SILVA + PR2)

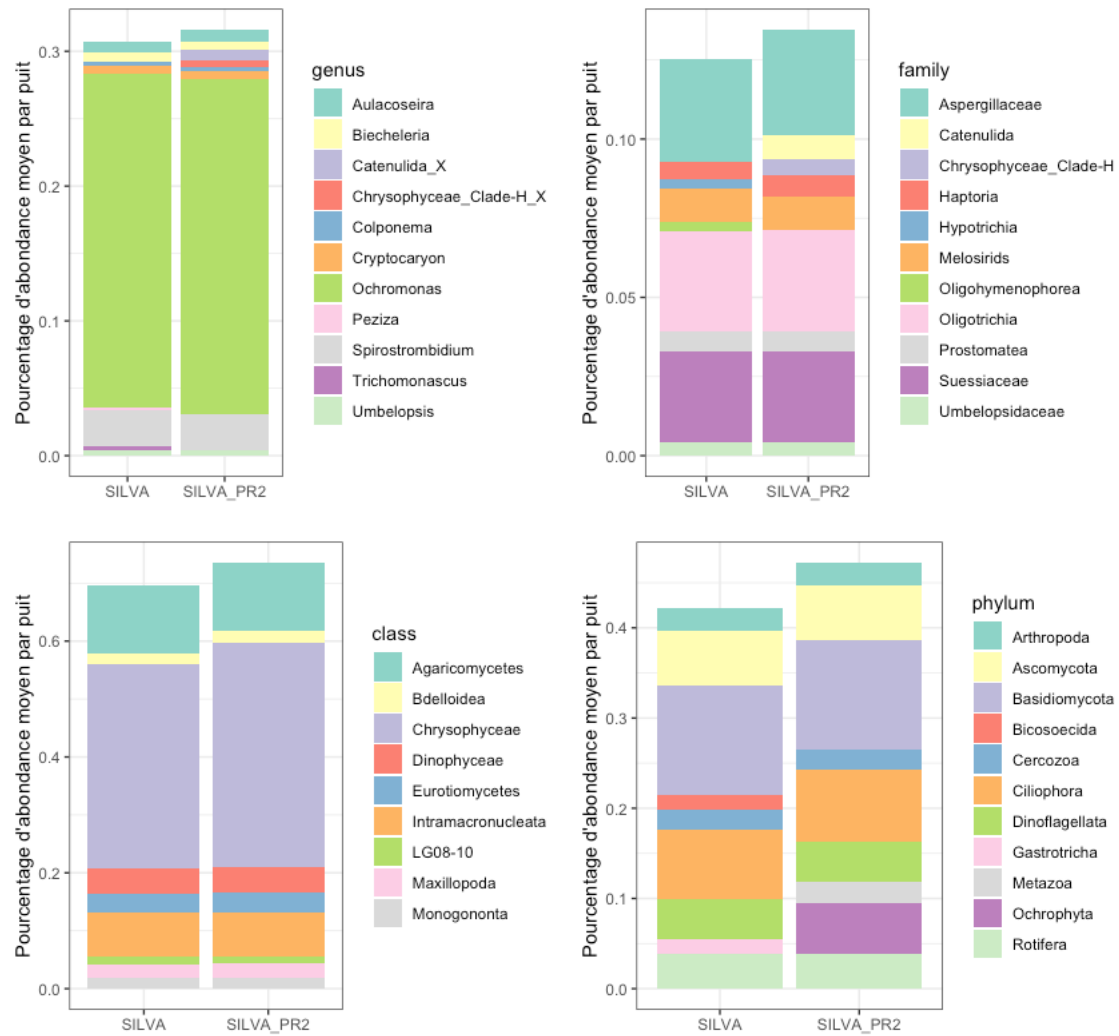
Nb ASV classifié comme Eucaryotes : 771 sur 836 soit 92,2 % (SILVA)

Nb ASV classifié comme Eucaryotes : 795 sur 836 soit 95,0 % (PR2)



Abondance de séquences dans chaque échantillon (Pas de différences notable)

Traitement des RAW et classification archées et eucaryotes



Comparaison de la taxonomie après classification avec SILVA seul ou SILVA puis PR2