VirSorter2

CheckV

DeepHost

phageFind.sh

TABLEAU FINAL

OUTPUT

OUTPUT

OUTPUT

OUTPUT

OUTPUT

OUTPUT

OUTPUT

Assembly.sh

Prepare\_data\_dedup.sh

MEGAHIT

Bowtie2

clumpify  
fastp  
samtools  
*bowtie2*

Prédiction séquences virales

Cartographie jeux de données sur assemblage

Co-assemblage

Filtration des lectures

Virulence

Hôte(s)

Taxonomie

ssDNA/dsDNA

Tableau résumé

Fichiers fastq

*Génome hôte*

**SCRIPTS**

**PROGRAMMES**

**OUTPUT**

**INPUT**

**ÉTAPES**