INPUT

*Génome hôte*

Fichiers fastq

OUTPUT

ÉTAPES

SCRIPTS

Prepare\_data\_dedup.sh

phageFind.sh

Assembly.sh

Taxonomie

ssDNA/dsDNA

Hôte(s)

Virulence

Tableau résumé

Filtration des lectures

Co-assemblage

Cartographie jeux de données sur assemblage

Prédiction séquences virales