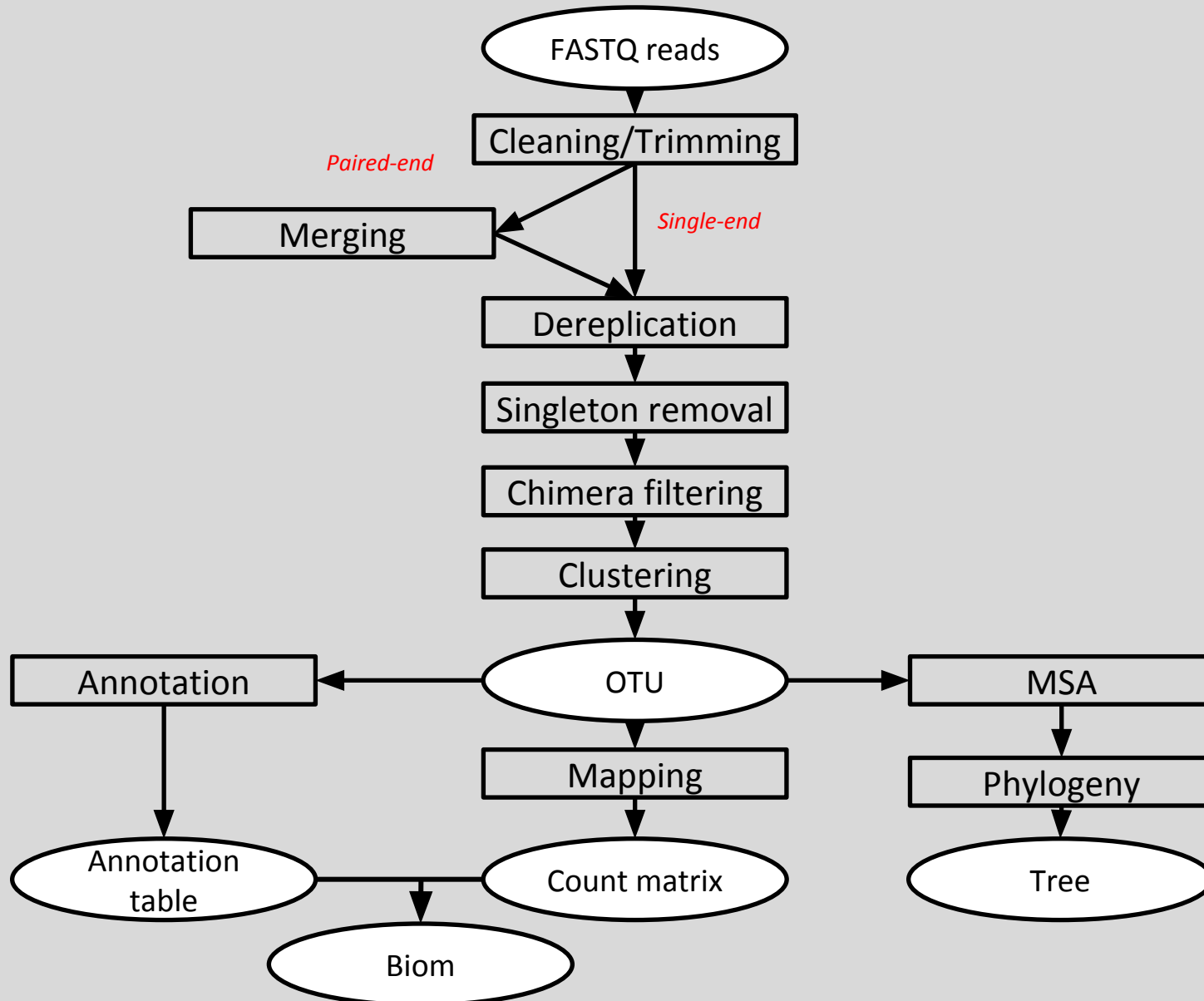


# Targeted metagenomics pipeline



# DATABASE

Objectif : Le workflow doit gérer des données de 16S/18S/23S/28S/ITS.

Les bases de séquences à utiliser sont les suivantes:

- SILVA SSU 16S/18S
- GREENGENES 16S
- SILVA LSU 23S/28S
- Unite/Findley/Underhill ITS
- RDP 16S/18S/23S/28S/ITS

On a un biom / table d'annotation / arbre par banque de séquence

Etapes à retirer : fastqc, iqtree