




### Nuevo Proyecto


Nombre del proyecto


Description

Input file/dir [Enlace al drive](#) 

 Dar acceso a la cuenta de correo: nanotax.catg@gmail.com




 Debe seleccionar el formato de los archivos de entrada

 [Samples metadata](#)

 Al archivo de metadata le faltan las siguientes columnas:

- Sample
- Barcode
- Group

#### Análisis a realizar

<input type="checkbox"/> ON <input checked="" type="checkbox"/> OFF	Basecalling y demultiplexación 
<input checked="" type="checkbox"/> ON <input type="checkbox"/> OFF	Asignación taxonómica
<input checked="" type="checkbox"/> ON <input type="checkbox"/> OFF	Indices de diversidad 
<input checked="" type="checkbox"/> ON <input type="checkbox"/> OFF	Predicción funcional 

### Opciones avanzadas

☐ Basecalling ☒ QC ☐ Taxonomic Assignment

#### Quality Check and filtering

Min length 1000	Max length 2000	Minimum Qscore 10
Subsampling to 100000	Min nreads 100000	

[SUBMIT DATA](#)

Quitar el espacio anterior a Dar acceso a la cuenta de correo

\*\* VERIFICAR LAS COLUMNAS SI ES QUE SE HACE EL ANALISIS CON PICRUST QUE INCLUYA LAS COLUMNAS CLASS Y SUBCLASS \*\* Hay algunos pathways o vías que te gustaria que se destaquen en el analisis? o que te gustaria saber los valores.

si es que el usuario pone por Ejemplo desde QC hay que verificar que el input sea fastq, si es que pone basecalling tiene que ser pod5.. y asi