RECHERCHE : **"Hepatitis E virus"[Organism] AND "complete genome"[Title]**

* **HEV\_Genomes.fasta (1114 Séquences génomiques)**
* **HEV\_Metadonnees.csv (Métadonnées associées aux séquences)**

**1114 lignes |17 colonnes**

APPLICATION FILTTRES**:**

* **Séquences sans nom de pays : 31**
* **Séquences sans date de publication : 7**
* **HEV\_metadonneesFiltrees.csv (1076 lignes | 17 colonnes)**
* **HEV\_Genomes\_Filtres.fasta (1076 Séquences génomiques)**

Nous allons utiliser les fichiers HEV\_Genomes\_Filtres.fasta et HEV\_metadonneesFiltrees.csv pour le reste des analyses.

VISUALISATION DES METADONNEES ASSOCIEES AUX SEQUENCES GENOMIQUES :



