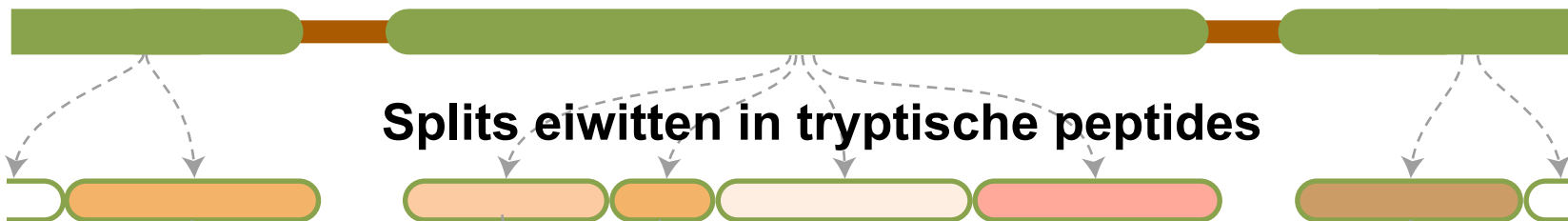


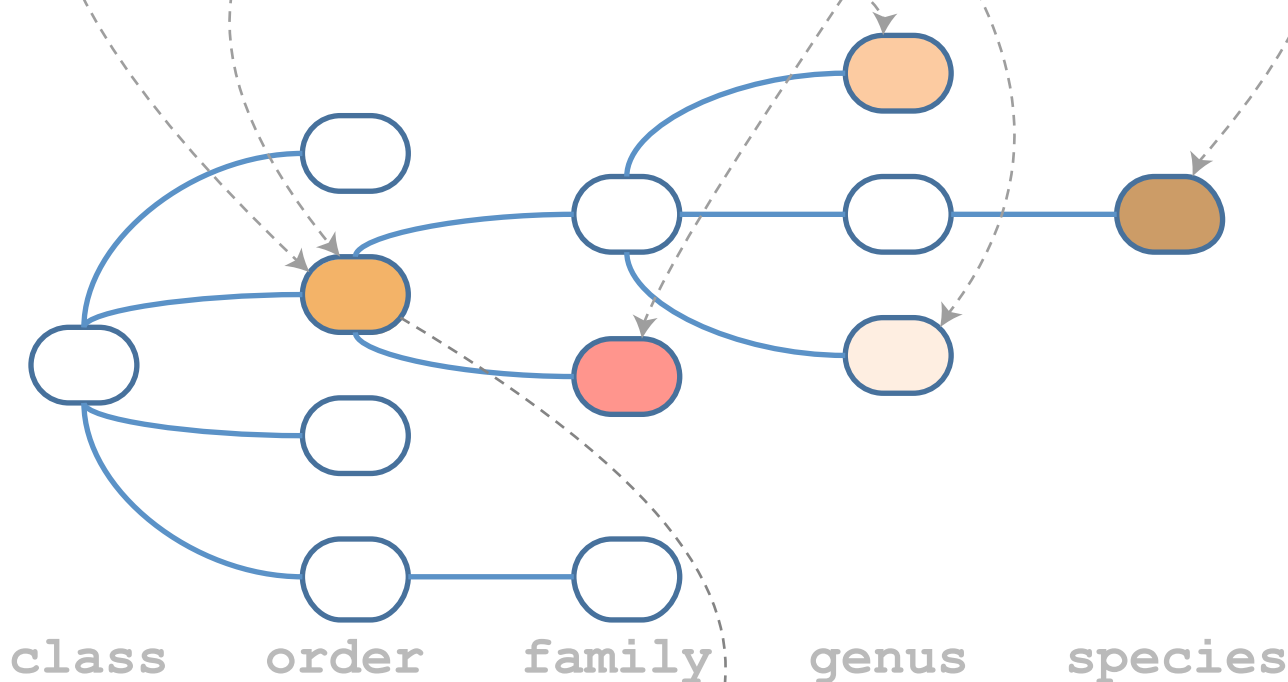
Voor elke DNA read in een metagenomics staal

Zoek genen met FragGeneScan en converteer in eiwitten



Splits eiwitten in tryptische peptides

Bereken voor elke peptide de taxonomische classificatie



Aggregeer de resultaten met een nieuw LCA* algoritme

