

**Table 2 : Comparaison des performances de Bactopia, Nullarbor et Asa3p.**

Outils	Bactopia	Nullarbor	Asa3p	Données publiées
Type d'analyses	- paired-end : bonnes/ mauvaise qualité/taille - illumina/nanopore (séparément et en mode hybride)	- paired-end : bonnes/ mauvaise qualité/taille - illumina	- paired-end : bonnes/ mauvaise qualité/taille - illumina/nanopore (séparément)	X
Options / notes	- Assemblage : - skesa/spades (short) - flye (long) - 3 étapes : bactopia prepare, bactopia dataset, bactopia - pas de schema MLST trouvé pour cette espèce	- Assemblage : skesa - config à la main <i>build dossier avec un make file</i> approprié selon les options + make + nullarbor-report.pl rapports	- Assemblage : - spades (short) - unicycler (long) - config à la main - launcher docker	X
Données PE bonne qualité (SRR8182677)	- QC fastq : GC = 35%, Coverage R1 = 50 / R2 = 49, - QC assemblage : nombre contigs = 55 Plus grand contig = 232091 N50 = 81866 - Annotations : CDS: 2288, gene: 2336, rRNA: 4, tRNA: 43, tmRNA: 1	- QC fastq : GC = 35.9%, Depth = 901x, - QC assemblage : nombre contigs = 57	- QC fastq : GC = 35%, - QC assemblage : nombre contigs = 85 Plus grand contig = 232753 N50 = 87804 n90Coverage = 194.7, - Annotations : CDS: 2321, gene: 2418, rRNA: 4, tRNA: 51, tmRNA: 1	- QC fastq : GC = 35%, Coverage = 175, - QC assemblage (SPAdes) : nombre contigs = 1 N50 contig = 2.4 Mb - Annotations (refseq) : CDS: 2287, gene: 2419
Données PE mauvaise qualité (SRR5329951)	- QC fastq : GC = 34.97%, Coverage R1 = 8.14 / R2 = 8.15, - QC assemblage : nombre contigs = 528 Plus grand contig = 41794 N50 = 6554 - Annotations : CDS: 2186, gene: 2202, rRNA: 1, tRNA: 14, tmRNA: 1	- QC fastq : GC = 35.8%, Depth = 15x, - QC assemblage : nombre contigs = 331	- QC fastq : GC = 36%, - QC assemblage : nombre contigs = 201 Plus grand contig = 96809 N50 = 34934 n90Coverage = 4.08, - Annotations : CDS: 2504, gene: 2591, rRNA: 1, tRNA: 43, tmRNA: 1	- QC fastq : GC = 34.5%, Coverage = 14.1, - QC assemblage (CLC de novo assembler) : nombre contigs = 163 N50 contig = 31.8 kb - Annotations (refseq) : CDS: NA, gene: NA
Petit assemblage (SRR6482979)	- QC fastq : GC = 34%, Coverage R1 = 4.25 / R2 = 4.22, Analyse stoppée : total basepairs ; minimin et coverage < 10x	- QC fastq : GC = 34.9%, Depth = 4x, - QC assemblage : nombre contigs = 413	- QC fastq : GC = 34%, - QC assemblage : nombre contigs = 330 Plus grand contig = 32625 N50 = 6996 n90Coverage = 1.36, - Annotations : CDS: 1624, gene: 1664, rRNA: 0, tRNA: 10, tmRNA: 0	- QC fastq : GC = 35%, Coverage = 5.5, - QC assemblage (CLC de novo assembler) : nombre contigs = 524 N50 contig = 5.9 kb - Annotations : CDS: 1335, gene: 1866
Technologie séquençage différente (ASM2382218v1) Analyse individuelle	<b>1. Illumina</b> - QC fastq : GC = 35.01%, Coverage R1 = 38.37 / R2 = 38.38, - QC assemblage : nombre contigs = 61 Plus grand contig = 277287 N50 = 80056 - Annotations : CDS: 2566, gene: 2620, rRNA: 3, tRNA: 50, tmRNA: 1 <b>2. Nanopore</b> - QC fastq : GC = 35.25%, Coverage = 34.6, - QC assemblage : nombre contigs = 6 Plus grand contig = 2342272 N50 = 2342272 - Annotations : CDS: 3801, gene: 3884, rRNA: 19, tRNA: 63, tmRNA: 1	<b>1. Illumina</b> - QC fastq : GC = 35.1%, Depth = 101x, - QC assemblage : nombre contigs = 68	<b>1. Illumina</b> - QC fastq : GC = 35%, - QC assemblage : nombre contigs = 143 Plus grand contig = 277538 N50 = 85728 n90Coverage = 15.27, - Annotations : CDS: 2613, gene: 2721, rRNA: 7, tRNA: 53, tmRNA: 1 <b>2. Nanopore</b> - QC fastq : GC = 35%, - QC assemblage : nombre contigs = 6 Plus grand contig = 2341787 N50 = 2341787 n90Coverage = 60.46, - Annotations : CDS: 3609, gene: 3734, rRNA: 19, tRNA: 63, tmRNA: 0	- QC fastq : GC = 35%, Coverage = 157, - QC assemblage (Hybrid strategy using Unicycler) : nombre contigs = 6 N50 contig = 2.3 Mb - Annotations : CDS: 2525, gene: 2703
Analyse hybride (ASM2382218v1)	- QC fastq : GC = 35.23%, Coverage R1 = 38.37 / R2 = 38.38, - QC assemblage : nombre contigs = 6 Plus grand contig = 2344660 N50 = 2344660 - Annotations : CDS: 2635, gene: 2718, rRNA: 19, tRNA: 63, tmRNA: 1	X	- QC fastq : GC = 35%, - QC assemblage : nombre contigs = 6 Plus grand contig = 2344660 N50 = 2344660 n90Coverage = 58.07, - Annotations : CDS: 2639, gene: 2768, rRNA: 19, tRNA: 63, tmRNA: 1	X (cf colonne ci-dessus)