

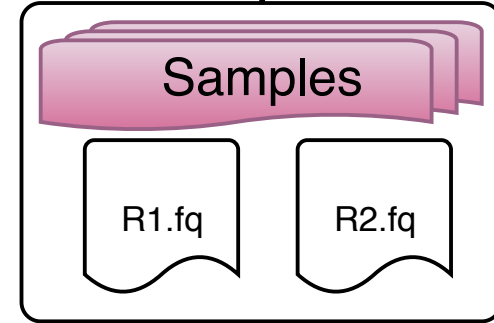
Workflow Fungal ITS Qiime2

Opção 1
Opção 2
Comum

1. Ingressar ao servidor

2. Diretório de trabalho

/data/treinamento_its/



3. Trimagem dos primers

*_R1.fq
*_R2.fq

5A. Trimagem

*_R1_paired.fq
*_R2_paired.fq

6A. importar como artefacto

reads_trimmed.qza

7A. Extrair ITS de fungos com itsx

readstrimmed_itsxpress_out.qza

8A. Denoising/ joining reads/ remoção chimeras

table.qza

representative_sequences.qza

10. Attribuição Taxonômica

taxonomyclassification_dynamic.qza

11. taxa barplot

taxa-bar-plot-dynamiz.qzv

11. EXPORTAR ARQUIVOS

11. qiime tools export

feature-table.biom

11. biom convert (biom to tsv)

Otu_table.tsv

11. qiime tools export

taxonomy.tsv

