

Fastq format and quality type

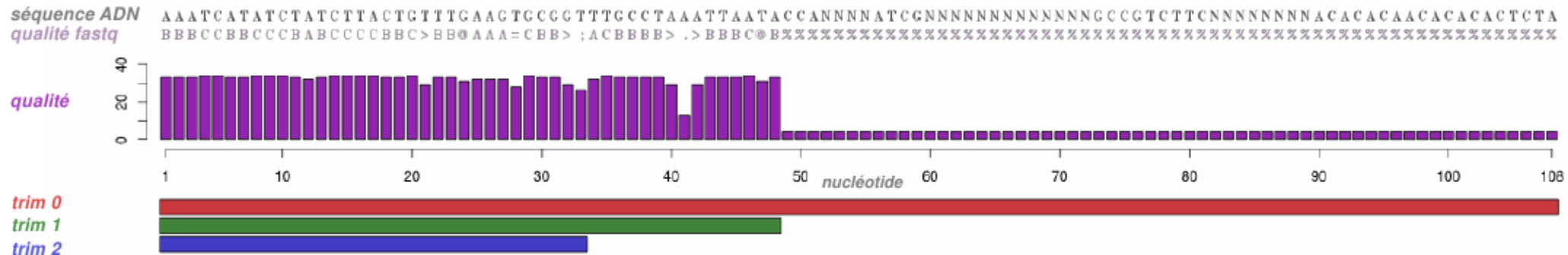
```

SSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS.....
...XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX.....
...IIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIIII..
...JJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJJ....
!"#$%&'()*+,-./0123456789:;<=>?@ABCDEFGHIJKLMNOPQRSTUVWXYZ[\]^`abcdefghijklmnopqrstuvwxyz{|}~

```

S - Sanger	Phred+33, raw reads typically (0, 40)
X - Solexa	Solexa+64, raw reads typically (-5, 40)
I - Illumina 1.3+	Phred+64, raw reads typically (0, 40)
J - Illumina 1.5+	Phred+64, raw reads typically (3, 40)

Reads trimming



- ♦ **trim 0** : aucun nettoyage des lectures.
- ♦ **trim 1** : nettoyage 'adaptatif'.
 - Pour chaque lecture, retrait première/dernière bases tant que qualité < seuil (10)
 - Suppression lectures ayant au moins 1 'N' (base non déterminée)
 - Suppression lectures dont longueur < seuil (20)
 - Suppression lectures dont qualité moyenne < seuil (20)
- ♦ **trim 2** : nettoyage 'global'.
 - Retrait dernière base de toutes les lectures tant que qualité moyenne < seuil (27)
 - Suppression lectures ayant au moins 1 'N' (base non déterminée)
 - Suppression lectures dont qualité moyenne < seuil (20)