

## Dictionnaire de vocabulaire

Site : Area d'échantillonnage

Station : Endroit où il a été fait l'échantillonnage

Latitude : Coordonnée géographique

Longitude : Coordonnée géographique

Date : Moment où l'échantillonnage s'est produit

Profondeur : Valeur maximale de la CTD sans tenir compte de la hauteur de marée

N\_replicat : Nombre d'échantillons analyses par station

Locus : Position fixe d'un marqueur génétique sur un chromosome

COI : (Cytochrome oxidase de type I) gène utilise en metabarcoding pour l'identification de vertébrés et invertébrés

12S : Gène utilise en metabarcoding pour l'identification de vertèbres

Assignment\_DB : Banque de séquences références utilisées pour les assignments taxonomiques (NCBI\_nt (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>) ou GSL\_rl ([https://github.com/GenomicsMLI-DFO/MLI\\_GSL-rl](https://github.com/GenomicsMLI-DFO/MLI_GSL-rl)))

Assignment méthode : La méthode d'assignment taxonomique (BLAST\_TOPHIT\_95 ou IDTaxa\_40)

## Vocabulary Dictionary

Site: Sampling area.

Station: Place where the sampling was done

Latitude: Geographic coordinate

Longitude: Geographical coordinate

Date: Moment when the sampling occurred

Depth: Maximum value of the CTD without taking account the height of the tide

N\_replicat: Number of samples analyzed per station

Locus: Fixed position of a genetic marker on a chromosome

COI: (Cytochrome oxidase subunit I) gene used in metabarcoding for the identification of vertebrates and invertebrates

12S: Gene used in metabarcoding for the identification of vertebrates

Assignment\_DB: Library of reference sequences used for taxonomic assignments (NCBI\_nt (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>) or GSL\_rl ([https://github.com/GenomicsMLI-DFO/MLI\\_GSL-rl](https://github.com/GenomicsMLI-DFO/MLI_GSL-rl)))

Assignment method: The taxonomic assignment method (BLAST\_TOPHIT\_95 or IDTaxa\_40)