Fichiers fastq

*Génome hôte*

alignées\_decont.bam

final-viral-score.tsv

contamination.tsv

completeness.tsv

final.contigs.fa

\*.bam

CheckV

complete\_genomes.tsv

quality\_summary.tsv

final-viral-combined.fa

(DeepHost)

VirSorter2

phageFind.sh

Assembly.sh

Prepare\_data\_dedup.sh

MEGAHIT

Bowtie2

clumpify  
fastp  
samtools  
*bowtie2*

Prédiction séquences virales

Cartographie jeux de données sur assemblage

Co-assemblage

Filtration des lectures

Virulence

Hôte(s)

Taxonomie

ssDNA/dsDNA

Tableau résumé

**SCRIPTS**

**PROGRAMMES**

**OUTPUT**

**INPUT**

**ÉTAPES**