扩展一：在宏基因组模块下增加一个页面，名称：从头拼接

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 起始路径 |  | | |
| 列表文件 |  | | |
| 结果路径 |  | | |
| 纠错模型 | r941\_min\_high\_g360 | 纠错次数 | 1 |
| 线程数 | 16 | | |

列表文件格式：第一列为样品名称，第二列为样品对应的文件名或者文件夹

对接文件：ont\_denovo.py（位置：G\_CONFIG/Metagenome）

说明：ont\_denovo.py –raw\_path 起始路径 –list\_file 列表文件 –result\_path 结果路径 –model 纠错模型 –repeat 纠错次数 –threads 线程数

扩展二：在二代测序模块下增加一个页面，名称：从头拼接

|  |  |
| --- | --- |
| 起始路径 |  |
| 列表文件 |  |
| 结果路径 |  |
| 测序类型 | ◎单端 ◎双端 （此处为单选） |
| 线程数 | 16 |

列表文件格式：第一列为样品名称，第二、三列为测序文件

对接文件：ngs\_denove.py （位置：G\_CONFIG/erdai）

说明：ngs\_denove.py –raw\_path 起始路径 –list\_file 列表文件 –result\_path 结果路径 –type 测序类型 –threads 线程数  
测序类型：单端传递参数SE,双端传递参数PE

修改三：修改未知病原页面，在下面增加一个子模块：序列分类。把原来软件在未知病原大标题上的那个新建模块的功能去掉，重做子模块的页面

|  |  |
| --- | --- |
| 起始路径 |  |
| 列表文件 |  |
| 结果路径 |  |
| 测序类型 | ◎单端 ◎双端 （此处为单选） |
| 线程数 | 16 |

对接文件：reads\_classify.py（位置：G\_CONFIG/）

说明：reads\_classify.py –raw\_path 起始路径 –list\_file 列表文件 –result\_path 结果路径 –type 测序类型 –threads 线程数  
测序类型：单端传递参数SE,双端传递参数PE