

两个独立计算pipeline（管道）的结果说明

pipeline1流程： 去除宿主和接头引物污染→cleaned reads→比对到病毒蛋白库→根据e值进行整理

lower_1e-6文件夹： e值低于1e-6的命中reads（一般假阳性较低，和已知病毒蛋白相似性高，重点看这个）；

lower_1e-3文件夹： 命中reads满足 “ $1e-6 < e\text{值} < 1e-3$ ” ；

lower_1e-1文件夹： 命中reads满足 “ $1e-3 < e\text{值} < 1e-1$ ” 。

注： 该管道会提取出命中到每个参考毒株的reads序列，存放在每个类别下的reads_out文件夹里

pipeline2流程： 去除宿主和接头引物污染→cleaned reads→拼接成contig→比对到病毒蛋白库→根据e值进行整理

lower_1e-6文件夹： e值低于1e-6的命中contigs（一般假阳性较低，和已知病毒蛋白相似性高，重点看这个）；

lower_1e-3文件夹： 命中contigs满足 “ $1e-6 < e\text{值} < 1e-3$ ” ；

lower_1e-1文件夹： 命中contigs满足 “ $1e-3 < e\text{值} < 1e-1$ ” 。

注： 该管道会提取出命中到每个参考毒株的contigs序列，存放在每个类别下的contig_out文件夹里