

Supplementary Table 1. Summary of all tRF-5 series.

Sequence	Origin	Relative sequencing frequency (% of total sequencing reads)	
		Mock	RSV
GGGGGATTAGCTCAAATGGTAGAGCCCTC	AlaAGC-1	< 0.0005	0.634
GGGGGATTAGCTCAAATGGTAGAGCTCTC	AlaAGC-2	0.002	0.450
GGGGGTGTAGCTCAGTGGTAGAGCGCATG	AlaTGC	< 0.0005	0.241
GGGCCAGTGGCGCAATGGATAACGCCTCT	ArgACG	< 0.0005	0.090
GACCCAGTGGCCTAATGGATAAGGCATCAG	ArgCCG	0.005	0.250
GCCCCAGTGGCCTAATGGATAAGGCACTGCCT	ArgCCT	0.002	0.110
GACCGCGTGGCCTAATGGATAAGGCTTCTG	ArgTCG	0.001	0.080
GGCTCCGTGGCGCAATGGATAGCGCATTG	ArgTCT-1	< 0.0005	0.540
GGCTCTGTGGCGCAATGGATAGCGCATTG	ArgTCT-2	0.001	0.408
GGCTCTCTGGCGCAATGGATAGCGCATTG	ArgTCT-3	< 0.0005	0.188
GGATCTGTGGCGCAATGGATAGCGCATTG	ArgTCT-4	< 0.0005	0.116
GGCTCTGTAGCGCAATGGATAGCGCATTGG	ArgTCT-5	< 0.0005	0.073
GTCTCTGTGGCGCAATCGGTTAGCGCTTTTCG	AsnGTT	0.005	0.020
TCCTCGTTCGTATAGTGGTGAGTATCCCCG	AspGTC-1	0.006	0.940
TCCTCTTTTGTATAGTGGTGAGTATCCCCGC	AspGTC-2	0.001	0.163
GGGGGTATAGCTCAGGGGTAGAGCATTTG	CysGCA	0.030	36.360
GGTTCCATGGTGTAAATGGTTAGCACTCTGGA	GlnCTG-1*	0.060	11.130
GGTTCCATGGTGTAAATGGTAAGCACTCTG	GlnCTG-2	0.004	1.440
GGTTCCATCGTGTAAATGGTGAGCACTCTG	GlnCTG-3	0.003	1.120
GGTTCCATCGTGTAAATGGTTAGCACTCTGGA	GlnCTG-4	0.006	0.185
GGTTCCATGGTGTAAACGGTTAGCACTCTGGA	GlnCTG-5	< 0.0005	0.170
GGTTCCATTGTGTAAATGGTAAGCACTCTGGA	GlnCTG-6	0.004	0.138
GGTTCCATGTGTAAATGGTTAGCACTCTGG	GlnCTG-7	0.003	0.109
GGTCCCGTGGTGTAAATGGTTAGCACTCTGG	GlnTTG	0.030	2.540
TCCCTGGTGGTCTAGTGGTTAGGATTCGGCG	GluCTC-1*	0.122	51.900
TCCCTGTGGTCTAGTGGTTAGGATTCGGCG	GluCTC-2	0.050	18.250
TCCCTGGTGGTCTAGTGGCTAGGATTCGGCG	GluTTC-1	0.012	6.350
TCCCACATGGTCTAGCGGTTAGGATTCCTG	GluTTC-2	0.021	2.910
TCCCATATGGTCTAGCGGTTAGGATTCCTGG	GluTTC-3	0.006	2.200
TCCCTGTGGTCTAGTGGCTAGGATTCGGCG	GluTTC-4	0.007	0.830
GCATGGGTGGTTCAGTGGTAGAATTCTCG	GlyGCC-1*	2.090	105.700
GCGCCGCTGGTGTAGTGGTATCATGCAAG	GlyGCC-2	0.350	90.600
GCATTGGTGGTTCAGTGGTAGAATTCTCG	GlyGCC-3	0.507	30.800
GCATTGGTGGTTCAGTGGGAGAATTCTCG	GlyGCC-4	< 0.0005	3.970
GCGTTGGTGGTATAGTGGTGAGCATAGCTG	GlyTCC-1	0.015	3.356
GCGTTGGTGGTATAGTGGTGAGAATAGCT	GlyTCC-2	0.005	1.230
GCCGTGATCGTATAGTGGTTAGTACTCTGCG	HisGTG-1	0.006	1.100
GCCGTAATCGTATAGTGGTTAGTACTCTGCG	HisGTG-2	< 0.0005	0.230
GCTCCAGTGGCGCAATCGGTTAGCGCGCGG	IleTAT	< 0.0005	0.010
GGCCGGTTAGCTCAGTTGGAAGAGCGTGGTG	IleGAT	< 0.0005	0.010
GGTAGCGTGGCCGAGCGGTCTAAGGCCCTGG	LeuAAG-1	< 0.0005	0.392

GGTAGCGTGGCCGAGCGGTCTAAGGCTCTGG	LeuAAG-2	0.001	0.245
GGTAGCGTGGCCGAGCGGTCTAAGGCGCTGG	LeuAAG-3	0.001	0.239
GTCAGGATGGCCGAGTGGTCTAAGGCCAGA	LeuCAA-1	0.006	0.695
GTCAGGATGGCCGAGTGGTCTAAGGCGCCAG	LeuCAA-2	0.001	0.086
GTCAGGATGGCCGAGCGGTCTAAGGCGCTGC	LeuCAG	0.050	0.200
GTTAAGATGGCAGAGCCCGGTAATCGCATAA	LeuTAA	0.100	2.530
GGTAGTGTGGCCGAGCGGTCTAAGGCCTGG	LeuTAG	0.003	0.550
GCCCCGGCTAGCTCAGTCGGTAGAGCATGAG	LysCTT-1*	0.037	14.100
GCCCCGGCTAGCTCAGTCGGTAGAGCATGGGA	LysCTT-2	0.008	2.200
GCCCCGGCTAGCTCAGTCAGTAGAGCATGGG	LysCTT-3	0.000	1.060
GCCCCGATAGCTCAGTCGGTAGAGCATCAG	LysTTT	0.090	3.110
AGCAGAGTGGCGCAGCGGAAGCGTGCTG	MetCAT-1	0.003	3.780
AGCAGAGGGGCGCAGCGGAAGCGTGCTG	MetCAT-2	< 0.0005	0.510
AGCAGAGTGGCGCAGTGGGAAGCGTGCTG	MetCAT-3	< 0.0005	0.470
GCCGAAATAGCTCAGTTGGGAGAGCTTTAGA	PheGAA	< 0.0005	1.590
GGCTCGTTGGTCTAGGGGTATGATTCTCG	ProAGG	< 0.0005	0.050
GGCTCGTTAGTCTAGGGGTATGATTCTCGCTTC	ProCGG	0.001	0.000
GGCTCGTTGGTCTAGTGGTATGATTCTCG	ProTGG	0.007	0.460
GTAGTCGTGGCCGAGTGGTTAAGGCTATGG	SerAGA	0.007	0.460
GCTGTGATGGCCGAGTGGTTAAGGCTTTGGA	SerCGA	0.001	0.160
GACGAGGTGGCCGAGTGGTTAAGGCAATGG	SerGCT-1	0.004	1.123
GACGAGGTGGCCGAGTGGTTAAGGCTATGG	SerGCT-2	0.004	0.809
GACGAGGTGGCCGAGTGGTTAAGGCGATGG	SerGCT-3	0.001	0.246
GCAGCGATGGCCGAGTGGTTAAGGCTTTG	SerTGA	0.002	0.030
GGCGCGTGGCTTAGTTGGTTAAAACTCCTG	ThrAGT	0.001	0.130
GGCGCGTGGCCAAGTGGTAAGGCTTCGG	ThrCGT	0.002	0.060
CCTTCAATAGATCAGCTGGTAGAGC	TyrATA	< 0.0005	< 0.0005
GTTTCCGTAGTGTAGTGGTCATCACGTTT	ValAAC-1	0.010	2.810
GGGGGTAGCTCAGTGGTAGAGCGT	ValAAC-2	< 0.0005	0.517
GTTTCCGTAGTGTAGTGGTTATCACATTC	ValCAC	0.020	1.170
GTTTCCGTGGTGTAGTGGTTATCACATTC	ValTAC	0.070	0.520