

1. *.coverage.png 样品*Mapped Reads 在参考基因组上的位置及覆盖深度分布图
 注：图中横坐标为染色体位置，纵坐标为覆盖深度以 2 为底的对数值，以 10kb 作为区间单位长度，划分染色体成多个小窗口（Window），统计落在各个窗口内的 Mapped Reads 作为其覆盖深度。蓝色为正链，绿色为负链。

2. *.mappedStat.xls 样品*测序数据与参考序列的比对统计表
 注：Total Reads Clean Reads 数目及其百分比（100%）
 mapped Reads 比对到参考基因组上的 Reads 数目及在 Clean Reads 中占的百分比
 Uniq Map 比对到参考基因组唯一位置的 Reads 数目及在 Clean Reads 中占的百分比
 Multiple Map 比对到参考基因组多处位置的 Reads 数目及在 Clean Reads 中占的百分比
 Pair Map 成对的（Paired）Reads 均比对到参考基因组上的 Reads 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比
 Single Map 成对的（Paired）Reads 中只有一条比对到参考基因组的 Reads 数目及在 Clean Reads 中占的百分比
 Only Map Plus Strand 比对到参考基因组正链的 Reads 数目及在 Clean Reads 中占的百分比
 Only Map Minus Strand 比对到参考基因组负链的 Reads 数目及在 Clean Reads 中占的百分比

3. *.type.png 样品*测序 Reads 在不同区域分布饼图
 注：图中将基因组分为外显子区、基因间区、内含子区，区域大小按 Map 到相应区域的 Reads 在所有 Mapped Reads 中所占的百分比。
 理论上，来自成熟 mRNA 的 Reads 应对比到外显子区。Reads 比对到内含子是由于 mRNA 前体和发生可变剪切的内含子保留；Reads 比对到基因间区是由于基因组注释不完善。