**====================================文件======================================**

**|-- nonRib.AllSample\_GC\_Q.stat.xls LncRNA样本的测序数据质量评估统计表**

|-- SampleID：客户的样本编号；

|-- BMK-ID：百迈客样品分析编号,为公司内部编号,与客户样品的编号对应；

|-- ReadSum：Clean Data中pair-end Reads总数；

|-- BaseSum：Clean Data中的总碱基数；

|-- GC(%)：Clean Data中的GC含量,即Clean Data中G和C两种碱基占总碱基的百分比；

|-- N(%)：Clean Data中含N的碱基占总碱基的百分比；

|-- Q30(%)：Clean Data中质量值大于或等于30的碱基占总碱基的百分比。

**|-- miRNA.All\_sample\_filter.stat.xls miRNA数据过滤统计表**

过滤掉原始序列中含有接头的序列和低质量序列等一系列不符合要求的序列，得到符合要求的高质量序列。

|-- Samples：样本信息单样品名称；

|-- BMK-ID：百迈客编号；

|-- Raw\_reads：测序原始数据；

|-- Low\_quality：质量值低于30的碱基所占比例超过20%的reads；

|-- Containing'N'reads：含至少10%的未知碱基N的reads；

|-- Length<18：去掉接头后,长度小于18个核苷酸的reads数；

|-- Length>30：去掉接头后,长度小于18个核苷酸的reads数；

|-- Clean\_reads：质量值大于或等于30的碱基的Reads数；

|-- Q30(%)：碱基质量值大于30的比例。

**|-- miRNA.AllSample\_GC\_Q.stat.xls**  sRNA样本的测序数据质量评估统计表

|-- SampleID：客户的样本编号；

|-- BMK-ID：百迈客样品分析编号,为公司内部编号,与客户样品的编号对应；

|-- ReadSum：Clean Data中pair-end Reads总数；

|-- BaseSum：Clean Data中的总碱基数；

|-- GC(%)：Clean Data中的GC含量,即Clean Data中G和C两种碱基占总碱基的百分比；

|-- N(%)：Clean Data中含N的碱基占总碱基的百分比；

|-- Q30(%)：Clean Data中质量值大于或等于30的碱基占总碱基的百分比。

**====================================文件夹====================================**

**|-- nonRib\_PNG**

**|-- \*.acgtn.png 碱基（ATGCN）含量分布图**

横坐标为Reads的碱基位置，纵坐标为单碱基所占比例。

**|-- \*.quality.png 碱基测序错误率分布图**

横坐标为Reads的碱基位置，纵坐标为单碱基错误率。

**|-- miRNA\_PNG**

**|-- \*.error.png miRNA样品测序错误率分布图，png格式**

横坐标是碱基的位置,纵坐标是错误率；此图反映每个测序反应的测序质量，通常测序序列5'端前几个碱基的错误率相对较高。