# 数据拆分报告

## 1. 基本信息

 编号:
 样本类型:

 姓名:
 申请日期:

 性别:
 男女
 接收日期:

 年龄:
 岁
 样本状态:

### 2. 检测文件 (16011102286432)

20151015414246.txt s1.fastq s2.fastq

### 3. 源数据统计

平均质量	平均GC含量	序列总数	有效序列	未知序列
32.7	54%	250000	165268	84732

## 4. 结果样本统计

样本数量	8
<5000条序列的样本数量	2
>20000条序列的样本数量	5
样本序列数平均值	10591.50
样本序列数最小值	24
样本序列数最大值	20082
方差	43143698.00
标准差	6568.39

## 5. 结果样本详细

数据名称	序列数量	平均质量	平均GC含量
E4	4650	33.0	56%
E5	24	33.5	55%
E8	20082	32.7	56%
E6	12336	33.1	55%
	9502	31.4	58%
S8	9260	33.9	55%
E7	18270	34.4	50%
S7	10608	33.5	55%

## 序列质量分析(见QC结果)

#### **Basic Statistics**

#Measure	Value		
Filename	16011102286517.fastq	16011102286432.fastq	
File type	Conventional base calls	Conventional base calls	
Encoding	Sanger / Illumina 1.9	Sanger / Illumina 1.9	
Total Sequences	125000	125000	
Filtered Sequences	0	0	
Sequence length	125	125	
%GC	54	55	

