1. Explain BAM FLAG value： 143?

143=128+8+4+2+1

read paired (0x1)

read mapped in proper pair (0x2)

read unmapped (0x4)

mate unmapped (0x8)

second in pair (0x80)

该read是成对的paired reads中的一个，paired read中每个都正确比对到参考序列上，该read没有对比到参考序列上，该read成对的matepair read没有对比到参考序列上，在paired reads中，该read是与参考序列对比的第二条。

1. Explain BAM FLAG value： 99?

99=64+32+2+1

read paired（0x1）

read mapped in proper pair (0x2)

mate reverse strand (0x20)

first in pair (0x40)

该read是成对的paired reads中的一个，paired read中每个都正确比对到参考序列上，该read成对的matepair read其反向互补序列能够比对到参考序列，在paired reads中，该read是与参考序列对比的第一条。

1. Explain BAM FLAG value： 516?

516=512+4

read unmapped (0x4)

read fails platform/vendor quality checks (0x200)

该read没对比到参考序列上，该read没有通过质量控制。

1. Explain BAM FLAG value： 2064?

2064=2048+16

read reverse strand (0x10)

supplementary alignment (0x800)

该read其反向互补序列能够对比到参考序列，补充匹配的read。

1. Explain BAM FLAG value： 147?

147=128+16+2+1

read paired (0x1)

read mapped in proper pair (0x2)

read reverse strand (0x10)

second in pair (0x80)

该read是成对的paired reads中的一个，paired reads中每个都能正确对比到参考数列上，该read其反向互补序列能够对比到参考序列，在paired reads中，该read是与参考序列比对的第二条。

1. Explain BAM CIGAR：14M2D31M

这条序列与参考基因相比，14bp碱基可以match，2bp碱基的删除，最后有31bp碱基的match。

1. Explain BAM CIGAR：3S6M1D5M

这条序列与参考基因相比，3bp的soft clipping，6bp的match，1bp的删除，5bp的match。

1. Explain BAM CIGAR: 6M14N5M

这条序列与参考序列相比，6bp的match，14bp的可变剪接位置，5bp的match。

1. Explain BAM CIGAR: 7M5D8M2I14M (小写：7m5d8m2i14m）

这条序列与参考序列相比，7bp的match，5bp的碱基删除，8bp的match，2bp的碱基插入，14bp的match。

1. how long is the read with alignment CIGAR of 7M5D8M2I14M?

7+8+2+14=31bp