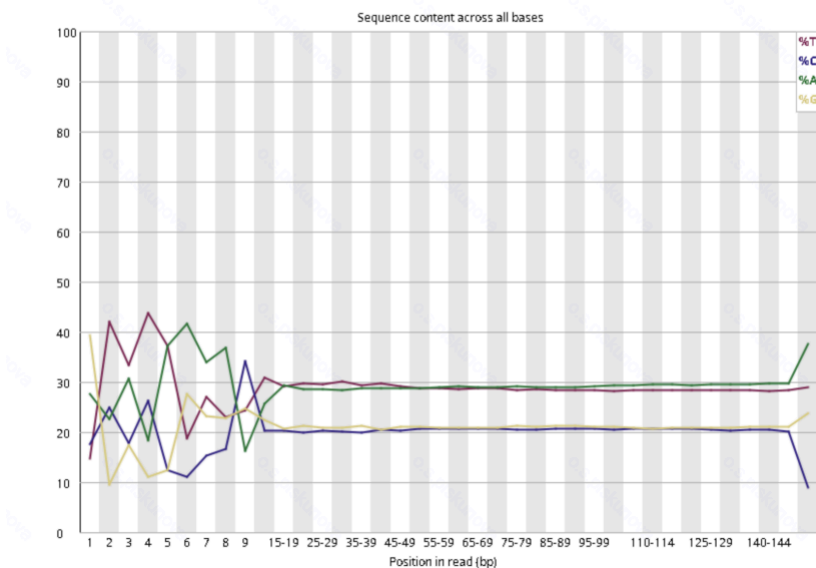


до тримминга получаем такое:

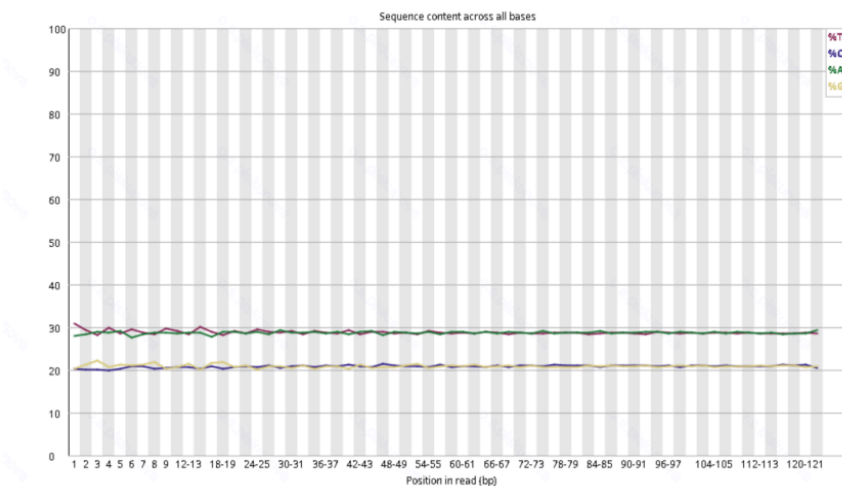
Per base sequence content - колебания содержания нуклеотид в начале и немного в конце цепочки.

✖ Per base sequence content



анализируя график, можно предложить подрезать 15 оснований в начале и 10 с конца, адаптеры нам не нужны при выравнивании на геном далее. после тримминга:

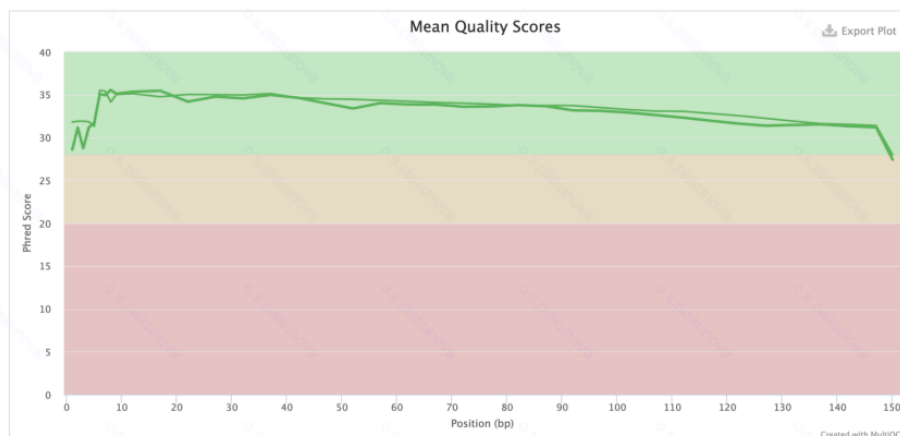
✔ Per base sequence content



после тримминга увеличилась доля с высоким качеством (отрезали то, что давало плохое качество):

до:

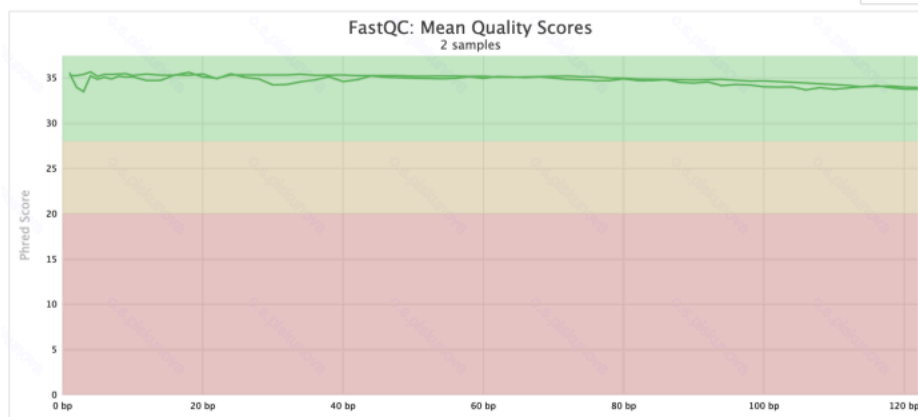
2

Y-Limits: ☒ on

Sequence Quality Histograms

 Help

Export Plot



```

1 StringTie transcript -633888 -634233 -1000 . . . gene_id "STRG.1"; transcript_id "STRG.1.1"; cov "13.426382"; FPKM "42.353672"; TPM "1358.578491";
1 StringTie exon -633888 -634233 -1000 . . . gene_id "STRG.1"; transcript_id "STRG.1.1"; exon_number "1"; cov "13.426382";
1 StringTie transcript -7984894 -7985251 -1000 . . . gene_id "STRG.2"; transcript_id "STRG.2.1"; cov "4.846369"; FPKM "15.288016"; TPM "490.393616";
1 StringTie exon -7984894 -7985251 -1000 . . . gene_id "STRG.2"; transcript_id "STRG.2.1"; exon_number "1"; cov "4.846369";
1 StringTie transcript -8863890 -8864992 -1000 . . . gene_id "STRG.3"; transcript_id "STRG.3.1"; cov "8.019705"; FPKM "25.298401"; TPM "811.496643";
1 StringTie exon -8863890 -8864992 -1000 . . . gene_id "STRG.3"; transcript_id "STRG.3.1"; exon_number "1"; cov "8.019705";
1 StringTie transcript -8866279 -8866501 -1000 . . . gene_id "STRG.4"; transcript_id "STRG.4.1"; cov "5.739910"; FPKM "18.106270"; TPM "500.809082";
1 StringTie exon -8866279 -8866501 -1000 . . . gene_id "STRG.4"; transcript_id "STRG.4.1"; exon_number "1"; cov "5.739910";
1 StringTie transcript -2628158 -2628159 -1000 . . . gene_id "STRG.5"; transcript_id "STRG.5.1"; cov "15.070796"; FPKM "47.541279"; TPM "1524.98

```