

=====图片=====

1. *.map.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. *.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。

=====文件=====

3. *.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