## 测序说明

- 1. MGI平台一次上机2张芯片,1张芯片4条lane(L01/L02/L03/L04),每条lane产出 360-380M reads。
- 2. MGI的barcode必须成套使用,目前有501-508,509-516共两套,测序时,每条 lane必须保证至少有一套barcode,可以多套一起使用,lane与lane之间的 barcode可以重合,二者不关联。例如,如果一条lane测一个样本,则该样本的 barcode可以是501-508或者509-516,如果一条lane测两个样本,则该lane的 barcode组合可以是501-504和505-508(即加起来是一套barcode)。依此类推,一条lane最多可以测16个样本。
- 3. 拿到下机信息时,每个样本都有对应的芯片号、lane号以及barcode号,需要根据这些信息来找样本的下机数据。每个芯片-lane-barcode的组合下都会有一批数据,如果某样本对应的是501-508共8个barcode,则需要把这8个barcode的数据合并在一起,作为该样本的数据进行分析。如果某样本对应的是2个lane号8个barcode号,则需要把2条lane下8个barcode的数据(共16批数据)合并到一起作为该样本的数据进行分析,依此类推。每个样本对应的芯片号、lane号和barcode可能都不是单一的,原则是将涉及到该样本所有数据都合并。
- 4. 所有的下机数据都是按照barcode拆分好的fq文件,每个barcode有reads1和 reads2两个fq文件。fq文件以gzip的格式存放,文件名为"芯片号 \_ Lane\_barcode\_1.fq.gz"和"芯片号\_Lane\_barcode\_2.fq.gz"

## 示例

送样形式	样本编号	样本名称	待测数据量	芯片号	Lane 号	barcode	下机数据量 bases/G
DNA	D1803012-TH	Xinjiang	60/150	V100007345	L01	501-508	58.698
DNA	D1804662-JQ	Bt-Drone-2	采 35	V100007345	L01	509	18.267
DNA	D1804420-ZJ-2	LX5	912	V100007345	L02	509-516	75.525
DNA	D1804420-ZJ-1	LX5	912	V100007359	L03/L04	509-516	41.156
DNA	D1810146A-GQ	D26	1	V100007345	L02	501	0.518
DNA	D1804260-XH	E1	150	V100007345	L03/L04	501-508	151.880

数据交付、释放的时候项目管理会提供上面的表格(可能会有差异)。以表格最下方的"E1"这个样本为例,可以从表格中获取到的信息有:

- 该数据是测序的芯片号是V100007345
- 该数据测了两条lane,分别是L03和L04
- 样本上机的时候选用的barcode是501-508这8个barcode

根据上述信息可以推测,这个样品在这一批测序中总共可以产生32个文件,文件名列

表:

cs未来组

mics未来组

WEXTU!

Nextomics V100007345\_L03\_501\_1.fq.gz CS未来组 All Nexton \_\_\_.тq.gz ...uuu07345\_L03\_502\_2.fq.gz V100007345\_L03\_503\_1.fq.gz V100007345\_L03\_503 Nextomics未来组 AF Next V100007345 L03 505 1.fq.gz 图 Nextomics 未来组 V100007345\_L03\_505\_2.fq.gz V100007345\_L03\_506\_1.fq.gz V100007345\_L03\_507\_1.fq.gz V100007345\_L03\_507\_2.fq.gz V100007345\_L03\_508\_1\_5 V100007345 L03 506 2.fq.gz 组 Nextomics未来组 V100007345 L04 501 1.fq.gz 细 Nextomics 未来组 V100007345\_L04\_501\_2.fq.gz V100007345\_L04\_502\_1.fq.gz V100007345\_L04\_502 组 Nextomics未来组 V100007345 L04 503 2.fq.gz V100007345\_L04\_504\_1.fq.gz V100007345\_L04\_504\_1.fq.gz V100007345 L04 505 1.fq.gz 组 Nextomics 未来组 V100007345\_L04\_505\_2.fq.gz V100007345\_L04\_506\_1.fq.gz V100007345\_L04\_506\_2.fq.gz V100007345\_L04\_507\_1.fq.gz 组 Nextomics 未来组 V100007345 L04 507 2.fq.gz V100007345\_L04\_508\_1.fq.gz V100007345 L04 508 2.fq.gz

## 确定是同一个样品的数据,在分析的时候可以合并后处理。

组 Nextomics未来组 Maxtomics 未来组 组 Nextomics 未写

All Nextomics

"OU