

## LncRNA 比对统计结果：

=====文件=====

### |-- All.mappedStat.xls      所有样本的比对效率统计表

|-- 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 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比 ;  
|-- Uniq Mapped Reads : 比对到参考基因组唯一位置的 Reads 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比 ;  
|-- Multiple Mapped Reads : 比对到参考基因组多个位置的数目及其在 Clean Reads 中占的百分比 ;  
|-- Reads Map to '+' : 比对到参考基因组正链的 Reads 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比 ;  
|-- Reads Map to '-' : 比对到参考基因组负链的 Reads 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比。

### |-- \*.mappedStat.xls      单个样本的比对效率统计表

|-- 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 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比 ;  
|-- Uniq Map : 比对到参考基因组唯一位置的 Reads 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比 ;  
|-- Multiple Map : 比对到参考基因组多个位置上的 Reads 数目及其在 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 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比 ;  
|-- Only Map Plus Strand : 比对到参考基因组正链上的 Reads 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比 ;  
|-- Only Map Minus Strand : 比对到参考基因组负链上的 Reads 数目及其在 Clean Reads 中占的百分比。

### |-- \*.map.png      单个样本 Mapped Reads 在参考基因组上的位置及覆盖深度分布图

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) , 计算落在各个窗口内的 Mapped Reads 作为其覆盖深度。蓝色为正链,绿色为负链。

### |-- \*.type.png      样本中测序 Reads 在基因组上不同区域的分布饼图

图中将基因组分为外显子区、基因间区和内含子区 ; 区域大小为 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 应对比到外显子区。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。