

## circRNA 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。

### |-- \*.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。

### |-- Total\_Type.png 不同样本中测序 Reads 在基因组上不同区域分布直方图

图中每个直方柱表示一个样品，粉色区域为外显子区、绿色区域为基因间区、蓝色区域为内含子区，区域的高度表示比对到该区域的 Mapped Reads 在所有 Mapped Reads 中所占的百分比。