

文库质量评估结果：

=====文件夹=====

|-- *.insertSize.png circRNA 文库插入片段的长度分布模拟图(png)

通过插入片段两端的 Reads 在参考基因组上的比对起止点之间的距离计算插入片段长度。

图中横坐标为双端 Reads 在参考基因组上的比对起止点之间的距离,范围为 0 到 800bp；纵坐标为比对起止点之间不同距离的双端 Reads 的数目。

检验插入片段长度的离散程度能直接反映出文库制备过程中磁珠纯化的效果。