

sRNA 比对统计结果：

=====文件=====

|-- All_ncRNA_mapped.stat.xls sRNA 数据中所有样本的 sRNA 分类注释统计结果

- |-- #ID : BMK-ID ;
- |-- Total : Clean reads 数目 ;
- |-- rRNA : 过滤掉的核糖体 RNA 的 reads 数目及比例 ;
- |-- snRNA : 过滤掉的细胞质小 RNA 的 reads 数目及比例 ;
- |-- scRNA : 过滤掉的核内小 RNA 的 reads 数目及比例 ;
- |-- snoRNA : 过滤掉的核仁小 RNA 的 reads 数目及比例 ;
- |-- tRNA : 过滤掉的转运 RNA 的 reads 数目及比例 ;
- |-- Repbase : 过滤掉的重复序列的 reads 数目及比例 ;
- |-- Unannotated : 包含 miRNA 的 Unannotated reads。

|-- All_sample_map.stat.xls 与参考基因组比对统计结果

- |-- BMK-ID : 百迈客编号 ;
- |-- Total_Reads : Unannotated reads 用于分析 MiRNA 的 reads 数目 ;
- |-- Mapped_Reads : 比对到参考基因组上的 Clean Reads ;
- |-- Mapped_reads(+) : 比对正链上的 Clean Reads 数目 ;
- |-- Mapped_reads(-) : 比对到负链上的 Clean Reads 数目。

=====文件夹=====

|-- *(样品名称) 单个样品比对结果

|-- *.chro_distribution.png 样本的 Reads 在参考基因组上的位置及覆盖深度分布图
横坐标为染色体位置；纵坐标为染色体上对应位置的覆盖深度取以 2 为底的对数值。

|-- *.Clean_reads.length.png 样本 Clean Reads 的长度分布统计图
横坐标为 small RNA 长度；纵坐标为特定长度的 small RNA 数量。

|-- *.Genome_mapped_reads.length.png 样本比对到参考基因组上的 reads (Mapped reads) 长度分布统计图
横坐标为 small RNA 长度；纵坐标为特定长度下的 small RNA 的数量。

|-- *.clean.fa 样品中 Clean Reads 的 fasta 文件
Fasta 格式。

|-- *.Clean_reads.length.stat.xls 样本 Clean Reads 的长度分布统计表
表中 length 表示 small RNA 的长度；reads 表示该长度下 small RNA 数量。

|-- *.Genome_mapped_reads.length.stat.xls 样本中 Mapped reads 的长度分布统计表
表中 length 表示 small RNA 的长度；reads 表示该长度下 small RNA 的数量。

|-- *.ncRNA_mapped.stat.xls 单个样本分类注释统计结果表
表中 Types 表示 small RNA 的类型；Number 表示该类型下 small RNA 的数量；Percentage 表示该类型下的 small RNA 占有所有 small RNA 的比例。