**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占所有small RNA的比例。