**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应比对到外显子区。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。