

## circRNA 鉴定最终结果

=====文件=====

|-- circRNA.fa        预测的环状 RNA 的序列文件（重要文件）

|-- circRNA\_newname.xls        环状 RNA 重新命名的文件（重要文件）

根据 circRNA 的来源基因对 circRNA 进行重命名，并整合 circRNA 来源基因的位置信息、注释信息，最终得到的结果。

此表中如果有多个来源基因则分多行分别列出。

|-- New\_ID：根据 circRNA 来源基因对环状 RNA 的重新命名；  
|-- circRNA\_ID：本项目中所使用的 circRNA ID；  
|-- circRNA\_chr：circRNA 所在染色体；  
|-- circRNA\_start：circRNA 开始位置；  
|-- circRNA\_end：circRNA 结束位置；  
|-- Source\_gene\_id：circRNA 来源基因 ID；  
|-- Source\_gene\_start：来源基因开始位置；  
|-- Source\_gene\_end：来源基因结束位置；  
|-- 之后几列分别为 circRNA 的在每个样品中的 junction read 数  
|-- geneLength 为环状长度  
|-- 之后是 circRNA 来源基因注释结果。

|-- overlap\_alitisplice.xls    circRNA 可变剪切文件

统计位于同一基因上，序列间相互部分重叠的 circRNA。

|-- CircRNA\_ID：CircRNA 名称；  
|-- geneLength：CircRNA 长度；  
|-- gene\_id：CircRNA 来源基因；  
|-- 其余为各个样品的 junction reads 值。

=====文件夹=====

|-- BMK\_1\_CIRC\_info    单个样本 circRNA 预测结果

|-- BMK\_2\_statistics    预测得到的 circRNA 统计结果

|-- BMK\_3\_Known        已知 circRNA 分析结果（部分物种）