

共表达分析结果

具有相同表达模式的基因更趋向于拥有相同的功能。

当样品数量大于等于 5 时,采用皮尔森相关性分析, 分别对差异 RNA 之间构建 mRNA-lncRNA, miRNA-circRNA 共表达网络。否则, 不进行此项分析。

=====文件=====

|-- Sig.circRNA_miRNA.xls circRNA-miRNA 共表达关系对

|-- RNA1 : RNA1

|-- RNA2 : RNA2

|-- coefficient : pearson 相关性系数 (|Pearson Coefficient| >=设定值)

|-- pvalue : 显著性 p 值 (P<=设定值)

|-- Sig.lncRNA_mRNA.xls lncRNA-mRNA 共表达关系对

|-- Diff.Sig.circRNA_miRNA.xls 差异 circRNA-miRNA 共表达关系对

|-- RNA1 : RNA1

|-- RNA1_regulated : up(上调)/down(下调)/--(非差异)

|-- RNA2 : RNA2

|-- RNA2_regulated : up(上调)/down(下调)/--(非差异)

|-- coefficient : pearson 相关性系数

|-- pvalue : 显著性 p 值

|-- Diff.Sig.lncRNA_mRNA.xls 差异 lncRNA-mRNA 共表达关系对