

## 已知 circRNA 分析

如果老师关注预测得到的 circRNA 是否是已知 circRNA，可以查看这部分结果。

=====文件=====

|-- circRNA\_known.xls      已知 circRNA 分析结果

```
|-- circRNA_id    预测得到的 circRNA ID
|-- circBase_id   对应的 circBase 中已知 circRNA 的 ID
|-- circRNA_length   预测得到的 circRNA 的长度
|-- circBase_length   circBase 中已知 circRNA 的长度
|-- identity   序列比对的一致性百分比
|-- blast_length   符合比对的比对区域的长度
|-- blast_mismatch   比对区域的错配数
|-- blast_gap    比对区域的 gap 数目
|-- blast_start1   比对区域在查询序列(Query id)上的起始位点
|-- blast_end1    比对区域在查询序列(Query id)上的终止位点
|-- blast_start2   比对区域在目标序列(Subject id)上的起始位点
|-- blast_end2    比对区域在目标序列(Subject id)上的终止位点
|-- blast_Evalue   比对结果的期望值
|-- blast_bitscore   比对结果的 bitscore 值
|-- ratio1    目标区域碱基数与 circBase 中已知 circRNA 长度的比值
|-- ratio2    目标区域碱基数与预测 circRNA 长度的比值
```

注意：circbase 数据库中的已知 circRNA 的序列及位置信息基于 hg19 版本，因此此列的位置信息为基于 hg19。

|-- Known\_Unknown\_pie.png   已知 circRNA 与新预测 circRNA 数目统计饼图

|-- Known\_Unknown\_pie.xls   饼图统计文件

|-- new.list.xls      Unknown circRNA 列表

物种为人的话,会对预测得到的已知 circRNA 进行注释,结果文件如下:

|--circRNA\_Circ2disease\_annotation.xls    已知 circRNA Circ2disease 数据库注释结果

```
|--#circRNA_id      预测得到的 circRNA id
|--circBase_id      circBase 数据库中 circRNA id
|--circRNA_length   预测得到的 circRNA 序列长度
|--circBase_length   circBase 数据库中 circRNA 序列长度
|--circRNA_name      Circ2disease 数据库中 circRNA name
|--Synonyms          Circ2disease 数据库中 circRNA 别名
```

```

|--Genome_Version  Circ2disease 数据库中 circRNA 基因组版本
|--Gene_Symbol      Circ2disease 数据库中 circRNA Hostgene Symbol
|--Type             Circ2disease 数据库中 circRNA type
|--Disease_Name      Circ2disease 数据库中 circRNA 经实验验证的与 circRNA 相关疾病名称
|--Methods          验证方法(来自 Circ2disease)
|--Sample           使用样品(来自 Circ2disease)
|--Location          细胞中位置 cytoplasm(细胞质)/nucleus(细胞核)(来自 Circ2disease)
|--Expression_Pattern 表达模式(上/下调)(来自 Circ2disease)
|--miRNA_Validated  实验验证相关 miRNA(来自 Circ2disease)
|--miRNA_Target_Validated 实验验证相关 miRNA 的靶基因(来自 Circ2disease)
|--RBP_Validated    实验验证相关 RNA 结合蛋白(来自 Circ2disease)
|--RBP_Target_Validated 实验验证相关 RNA 结合蛋白靶(来自 Circ2disease)
|--Functional_Description功能描述(来自 Circ2disease)
|--PubMed_ID        来源文章 PubMed ID(来自 Circ2disease)
|--Year             来源文章发表时间(来自 Circ2disease)
|--Journal          来源文章发表期刊(来自 Circ2disease)
|--Title            来源文章 Title(来自 Circ2disease)
|--Note             其他信息

```

## |--circRNA\_circBank\_annotation.xls    已知 circRNA circBank 数据库注释结果

```

|--#circRNA_id      预测得到的 circRNA id
|--circBase_id      circBase 数据库中 circRNA id
|--circRNA_length   预测得到的 circRNA 序列长度
|--circBase_length  circBase 数据库中 circRNA 序列长度
|--circBank_id      已知 circRNA 对应 circBank 数据库 id(来自 circBank)
|--annotation       circRNA 注释(来自 circBank)
|--best_transcript  最优转录本(来自 circBank)
|--gene_symbol      circRNA hostgene Symbol(来自 circBank)
|--mm9_circRNA_id   conserved mm9 circRNA (circBase id)
|--mm9_circbase_info  circBase 中 mm9 circRNA 详细信息(来自 circBase)
|--mm9_circbase_sequence  circBase mm9 circRNA 序列
|--orf_size         ORF 大小
|--fickett_score    fickett 打分
|--hexamer_score    hexamer 打分
|--coding_prob      circRNA 编码能力
|--m6A_name         circRNA 相关 m6A 名称

```