**miRNA预测**

**====================================文件夹1===================================**

**|-- BMK\_1\_miR\_Seq 预测miRNA序列**

**|-- All\_miRNA.expressed.fa** **预测得到的所有miRNA的mature序列（重要文件）**

**|-- All\_miRNA\_Pre.expressed.fa 预测得到的所有miRNA的前体序列（重要文件）**

**|-- Known\_mature\_expressed.fa** **已知miRNA的mature序列**

**|-- Known\_Pre\_expressed.fa** **已知miRNA的前体序列**

**|-- Novel\_mature\_expressed.fa** **新预测的miRNA的mature序列**

**|-- Novel\_Pre\_expressed.fa** **新预测的miRNA的前体序列**

**====================================文件夹2===================================**

**|-- BMK\_2\_Len\_Distribution miRNA长度分布结果**

**|-- All\_miRNA.length.pdf 所有miRNA长度分布图（PDF格式）**

**|-- All\_miRNA.length.png 所有miRNA长度分布图（PNG格式）**

**|-- All\_miRNA.stat.xls** **所有miRNA长度分布统计文件**

|-- Length 长度

|-- Number 此长度的miRNA的数目

**|-- Known\_miRNA.length.pdf 已知miRNA长度分布图（PDF格式）**

**|-- Known\_miRNA.length.png** **已知miRNA长度分布图（PDF格式）**

**|-- Known\_miRNA.stat.xls**  **已知miRNA长度分布统计文件**

**|-- Novel\_miRNA.length.pdf 新预测miRNA长度分布图（PDF格式）**

**|-- Novel\_miRNA.length.png** **新预测miRNA长度分布图（PDF格式）**

**|-- Novel\_miRNA.stat.xls**  **新预测miRNA长度分布统计文件**

**|-- \*.known\_miRNA\_len.stat.xls** **单样本已知miRNA长度分布统计文件**

**|-- \*.predicted\_miRNA\_len.stat .xls 单样本新预测miRNA长度分布统计文件**

**====================================文件夹３===================================**

**|-- BMK\_3\_Base\_Distribution miRNA碱基偏好**

**|-- All.base\_bias.pdf**

**|-- All.base\_bias.png** **所有miRNA各位点碱基分布图（PNG格式）**

图中横坐标表示序列的各位点；纵坐标表示miRNA各位点碱基所占百分比。

**|-- All.base\_bias.stat.xls** **所有miRNA各位点碱基分布统计文件**

文件第一列为pos，之后每一列是该pos是分别是A/U/G/C的miRNA的数目。

**|-- All.first\_base.pdf**

**|-- All.first\_base.png** **所有miRNA 首位碱基的分布图（PNG格式）**

**|-- All.first\_base.stat.xls** **所有miRNA 首位碱基的统计文件**

**|-- Known.base\_bias.pdf**

**|-- Known.base\_bias.png** **已知miRNA各位点碱基分布图（PNG格式）**

**|-- Known.base\_bias.stat.xls** **已知miRNA各位点碱基分布统计文件**

**|-- Known.first\_base.pdf**

**|-- Known.first\_base.png** **已知miRNA首位碱基的分布图（PNG格式）**

**|-- Known.first\_base.stat.xls** **已知miRNA首位碱基的统计文件**

**|-- Novel.base\_bias.pdf**

**|-- Novel.base\_bias.png** **新预测的miRNA各位点碱基分布图（PNG格式）**

**|-- Novel.base\_bias.stat.xls** **新预测的miRNA各位点碱基分布统计文件**

**|-- Novel.first\_base.pdf**

**|-- Novel.first\_base.png** **新预测的miRNA首位碱基的分布图（PNG格式）**

**|-- Novel.first\_base.stat.xls**  **新预测的miRNA首位碱基的统计文件**

**====================================文件夹4===================================**

**|-- BMK\_4\_Summary\_Stat**

**|-- Summary\_Known\_miRNA.xls** **已知miRNA的总结文件**

鉴定miRNA时，我们将比对上参考基因组的reads序列与已知miRNA数据库miRBase（v21）中的成熟miRNA序列进行比对。序列与已知miRNA完全相同的reads被认为是本项目中鉴定到的已知miRNA，因此此文件中的部分额列为"--"；

|-- miRNA：miRNA ID

|-- score\_total："--"

|-- mature\_sequence：从miRbase数据库中提取的已知miRNA的成熟序列

|-- star\_sequence："--"

|-- GenomeID："--"

|-- strand："--"

|-- start："--"

|-- end："--"

|-- pre\_seq："--"

|-- hairpin\_stru："--"

|-- hairpin\_energy："--"

|-- S\* miRNA在各个样品中的表达量信息

**|-- Summary\_Novel\_miRNA.xls**  新预测miRNA的总结文件

新miRNA用miRDeep2软件包进行预测。

|-- miRNA miRNA ID

|-- score\_total 软件打分

|-- mature\_sequence 预测得到的miRNA 的 mature 序列

|-- star\_sequence Star 序列

|-- GenomeID 序列所在染色体

|-- strand 序列所在链的方向

|-- start 前体序列的开始位置

|-- end 前体序列的结束位置

|-- pre\_seq 前体序列

|-- hairpin\_stru 发夹结构

|-- hairpin\_energy 发夹结构能量值

|-- S\* miRNA在各个样品中的表达量信息

**|-- Total\_miRNA.stat.xls** 所有miRNA数据统计文件

统计了每个样品中预测得到的已知和Novel miRNA的数量及Total miRNA的数量。

**====================================文件夹4===================================**

**|-- BMK\_5\_PDF**

**|-- \*.pdf** **二级结构预测**