**miRNA碱基编辑**

**====================================文件======================================**

**|-- miRNAEdit\_cutoff\_20.xls** **碱基编辑结果文件**

count数大于20作为阈值，过滤得到的碱基编辑文件。

|--第一列：表示sRNA和pre-miRNA的序列及匹配情况；

|--第二列：表示round数和碱基编辑类型；第一轮：完全匹配r0-r0；第二轮：允许一个错配,r1-M3,r1-M5,r1-MM；第三轮：第二轮过滤后的,去除 3 ‘端或5’端的一个碱基,允许一个错配， r2-M5， r2-M3；

|--第三列：表示sRNA的长度；

|--第四列：表示相对于前体的碱基变异情况；

|--第五列：表示sRNA在前体的位置；

|--第六列：到最后一列表示sRNA在各样本中的count数。