**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**