**circRNA鉴定最终结果**

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

**|-- circRNA.fa 预测的环状RNA的序列文件（重要文件）**

**|-- circRNA\_newname.xls 环状RNA重新命名的文件（重要文件）**

根据circRNA的来源基因对circRNA进行重命名，并整合circRNA来源基因的位置信息、注释信息，最终得到的结果。

**此表中如果有多个来源基因则分多行分别列出。**

|-- New\_ID：根据circRNA来源基因对环状RNA的重新命名；

|-- circRNA\_ID：本项目中所使用的circRNA ID；

|-- circRNA\_chr：circRNA所在染色体；

|-- circRNA\_start：circRNA开始位置；

|-- circRNA\_end：cicrRNA结束位置；

|-- Source\_gene\_id：circRNA来源基因 ID；

|-- Source\_gene\_start：来源基因开始位置；

|-- Source\_gene\_end：来源基因结束位置；

|-- 之后几列分别为circRNA的在每个样品中的junction read数

|-- geneLength为环状长度

|-- 之后是circRNA来源基因注释结果。

**|-- overlap\_alitisplice.xls circRNA**可变剪切文件

统计位于同一基因上，序列间相互部分重叠的circRNA。

|-- CircRNA\_ID：CircRNA名称；

|-- geneLength：CircRNA长度；

|-- gene\_id：CircRNA来源基因；

|-- 其余为各个样品的junction reads值。

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

**|-- BMK\_1\_CIRC\_info 单个样本circRNA预测结果**

**|-- BMK\_2\_statistics 预测得到的circRNA统计结果**

**|-- BMK\_3\_Known 已知circRNA分析结果（部分物种）**