**单个样本circRNA预测结果**

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

**|-- \*.circ.intersect.xls** **CIRI和find\_circ取交集后整理的结果（如果同时使用这两款软件进行circRNA预测；否则是经过整理后的某一款软件的结果）**

|-- chr：circRNA所在染色体；

|-- start：circRNA开始位置；

|-- end：circRNA结束位置；

|-- Mean\_junction：平均junction reads数目，即同一个circRNA,求两款软件的平均junction reads数目；

|-- circRNA\_type：circRNA在基因组上的位置信息，有exon、intergenic\_region和intron三种；

|-- gene\_id：circRNA的来源基因ID；

|-- strand：circRNA 所在链。

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

**|-- BMK\_1\_CIRI CIRI预测结果（如果使用了此款软件进行circRNA预测）**

CIRI预测环状原理：CIRI软 件使用BWA软件与参考基因序列比对，生成SAM文件，并对SAM文件中的CIGAR值进行分析的，从SAM文件中扫描PCC信号（paired chiastic clipping signals）。 CIGAR值在junction read的特征是xS/HyM或者xMyS/H，其中x,y代表碱基数目，M是mapping上的，S是soft clipping，H是hard clipping。对于双端Reads，CIRI算法会考虑一对reads，其中一条可以mapping到CircRNA上，另一条也需要mapping 到CircRNA的区间内。对于单外显子成环，或者“长外显子1-短外显子-长外显子2”形成的环形结构，CIGAR值应该是xS/HyMzS/H以及 (x+y)S/HzM或者xM(y+z)S/H，CIRI软件可以很好的将这两种情况分开。对于splicing 信号(GT,AG) CIRI也会考虑其他弱splicing 信息例如（AT-AC），算法会从GTF/GFF文件中抽取外显子边界位置，并用已知的边界来过滤假阳性。

**|-- \*.CIRI\_Predict.xls CIRI软件预测环状RNA结果**

|-- circRNA\_ID：circRNA名称，格式:染色体：start|end

|-- chr：所在染色体

|-- circRNA\_start：开始位置

|-- circRNA\_end：结束位置

|-- #junction\_reads：junction reads的数目

|-- SM\_MS\_SMS ：CIGAR

|-- #non\_junction\_reads：非junction reads的数目

|-- junction\_reads\_ratio：junction\_reads/(non\_junction\_reads/2+junction\_reads)

|-- circRNA\_type：circRNA类型

|-- gene\_id：来源基因ID

|-- strand：方向

|-- junction\_reads\_ID：junction reads 的ID（测序clean reads ID）

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

**|-- BMK\_2\_find\_circ find\_circ软件预测结果（如果使用了此款软件进行circRNA预测）**

**|-- \*.find\_circ\_Predict.xls find\_circ软件预测环状RNA结果**

|-- chrom：染色体名称

|-- start：左剪切位点（以0开始）

|-- end：右剪切位点（以0开始）

|-- name：环状RNA名称

|-- n\_reads：number of reads supporting the junction (BED'score')

|-- strand：+/-；n\_uniq：支持junction的唯一reads数目

|-- uniq\_bridges：锚点比对唯一的reads数目

|-- best\_qual\_left：支持左剪切junction最好的锚点比对分数

|-- best\_qual\_right：支持右剪切junction最好的锚点比对分数

|-- tissues：样品名称，以逗号分割

|-- tiss\_counts：每个样品对应的reads数，以逗号分割

|-- edits：锚点延伸过程的错配数

|-- anchor\_overlap：断点在一个锚点内的核苷酸数目

|-- breakpoints：以侧翼GT/AG方式打断reads的数目

|-- signal：侧翼核苷酸剪切信号(GT/AG)

|-- strandmatch：'MATCH','MISMATCH' or 'NA'（非链特异性分析）

|-- category：描述junction的关键字