**已知circRNA分析**

如果老师关注预测得到的circRNA是否是已知circRNA，可以查看这部分结果。

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

**|-- circRNA\_known.xls 已知circRNA分析结果**

|-- circRNA\_id 预测得到的circRNA ID

|-- circBase\_id 对应的circBase中已知circRNA的ID

|-- circRNA\_length 预测得到的circRNA的长度

|-- circBase\_length circBase中已知circRNA的长度

|-- identity 序列比对的一致性百分比

|-- blast\_length 符合比对的比对区域的长度

|-- blast\_mismatch 比对区域的错配数

|-- blast\_gap 比对区域的gap数目

|-- blast\_start1 比对区域在查询序列(Query id)上的起始位点

|-- blast\_end1 比对区域在查询序列(Query id)上的终止位点

|-- blast\_start2 比对区域在目标序列(Subject id)上的起始位点

|-- blast\_end2 比对区域在目标序列(Subhect id)上的终止位点

|-- blast\_Evalue 比对结果的期望值

|-- blast\_bitscore 比对结果的bitscore值

|-- ratio1 目标区域碱基数与circBase中已知circRNA长度的比值

|-- ratio2 目标区域碱基数与预测cicrRNA长度的比值

注意：circbase数据库中的已知circRNA的序列及位置信息基于hg19版本，因此此列的位置信息为基于hg19。

**|-- Known\_Unknown\_pie.png 已知circRNA与新预测circRNA数目统计饼图**

**|-- Known\_Unknown\_pie.xls 饼图统计文件**

**|-- new.list.xls Unknown circRNA列表**

**物种为人的话,会对预测得到的已知circRNA进行注释,结果文件如下:**

**|--circRNA\_Circ2disease\_annotation.xls 已知circRNA Circ2disease数据库注释结果**

|--#circRNA\_id 预测得到的circRNA id

|--circBase\_id circBase数据库中circRNA id

|--circRNA\_length 预测得到的circRNA序列长度

|--circBase\_length circBase数据库中circRNA序列长度

|--circRNA\_name Circ2disease数据库中circRNA name

|--Synonyms Circ2disease数据库中circRNA别名

|--Genome\_Version Circ2disease数据库中circRNA基因组版本

|--Gene\_Symbol Circ2disease数据库中circRNA Hostgene Symbol

|--Type Circ2disease数据库中circRNA type

|--Disease\_Name Circ2disease数据库中circRNA 经实验验证的与circRNA相关疾病名称

|--Methods 验证方法(来自Circ2disease)

|--Sample 使用样品(来自Circ2disease)

|--Location 细胞中位置cytoplasm(细胞质)/nucleus(细胞核)(来自Circ2disease)

|--Expression\_Pattern 表达模式(上/下调)(来自Circ2disease)

|--miRNA\_Validated 实验验证相关miRNA(来自Circ2disease)

|--miRNA\_Target\_Validated 实验验证相关miRNA的靶基因(来自Circ2disease)

|--RBP\_Validated 实验验证相关RNA结合蛋白(来自Circ2disease)

|--RBP\_Target\_Validated 实验验证相关RNA结合蛋白靶(来自Circ2disease)

|--Functional\_Description 功能描述(来自Circ2disease)

|--PubMed\_ID 来源文章PubMed ID(来自Circ2disease)

|--Year 来源文章发表时间(来自Circ2disease)

|--Journal 来源文章发表期刊(来自Circ2disease)

|--Title 来源文章Title(来自Circ2disease)

|--Note 其他信息

**|--circRNA\_circBank\_annotation.xls 已知circRNA circBank数据库注释结果**

|--#circRNA\_id 预测得到的circRNA id

|--circBase\_id circBase数据库中circRNA id

|--circRNA\_length 预测得到的circRNA序列长度

|--circBase\_length circBase数据库中circRNA序列长度

|--circBank\_id 已知circRNA对应circBank数据库id(来自circBank)

|--annotation circRNA注释(来自circBank)

|--best\_transcript 最优转录本(来自circBank)

|--gene\_symbol circRNA hostgene Symbol(来自circBank)

|--mm9\_circRNA\_id conserved mm9 circRNA (circBase id)

|--mm9\_circbase\_info circBase中mm9 circRNA详细信息(来自circBase)

|--mm9\_circbase\_sequence circBase mm9 circRNA序列

|--orf\_size ORF大小

|--fickett\_score fickett打分

|--hexamer\_score hexamer打分

|--coding\_prob circRNA编码能力

|--m6A\_name circRNA相关m6A名称