

### Gene\_info\_Illustration\_CE\_m\_ceR

Title	Mean	Example
ProbeName	探针名称	hsa_circ_0000026
ControlType	是否为质控位点 ( pos:质控点 , FALSE:非质控点 )	Pos/FALSE
Sample_NS	探针在样本中的归一化信号值	7.023509
Sample_flag	样品的检出判定 : A : 该探针的信号与本底不具有显著性差异;P : 该探针的信号与本底具有显著性差异;M : 该探针的信号与本底的差异介于 A 和 P 之间	P/M/A
Fold_change(1_vs_2)	( formula : foldchange=average(power(2,signal(CASE)))/ average(power(2,signal(CONTROL))) ) 两组 ( 具有生物学重复样品 ) 或两个 ( 无生物学重复样品 ) 的差异倍数	3.4
foldchange (abs)	( formula : if foldchange >1, foldchange (abs) = foldchange , foldchange < 1, foldchange (abs) =1\ foldchange ) 两组 ( 具有生物学重复样品 ) 或两个 ( 无生物学重复样品 ) 的差异倍数的绝对值	3.4
Regulation(1_vs_2)	两组 ( 具有生物学重复样品 ) 或两个 ( 无生物学重复样品 ) 的上下调变化趋势	up/down
Type	RNA 的类型 : circRNA/lncRNA / mRNA ( 注 : 标记为 circRNA_lncRNA_mRNA 的表示该探针检测的是特定的表达总和 )	circRNA/lncRNA/mRNA
ProbeSeq	探针序列	AAGGTATCTTAAGGAAA GTTCAAGGTAAAAAGAC AGAGGTGTTTATGGTTA CATGTGTGT
Accession	RNA 在数据库中的 ID	lnc-ZNF558-1:4
Source	基因序列的数据库来源	ENSEMBL_GENCODE
Chr	染色体位置	Chr19
strand	序列正负链来源	-/+

Start	序列起始位置	8831143
end	序列终止位置	8832242
GeneSymbol	基因缩写名称	SNHG23
gene_description	基因功能描述	translation regulatory long non-coding RNA 1
EntrezGeneID	Entrez 上基因的编号	55357
GO	gene ontology:根据细胞生物学功能对基因进行分类	GO:0043565
Relation	lncRNA 与邻近 mRNA 的关系：exonic sense：转录方向相同，lncRNA 染色体位置至少与 mRNA 一个 exon 存在 overlap；exonic antisense：转录方向相反，lncRNA 染色体位置至少与 mRNA 一个 exon 存在 overlap；bidirectional：转录起始位点距离 mRNA 转录起始位置小于 1000 bp，转录方向相反；intronic sense：整个 lncRNA 完全落于 mRNA 的 intron 中。转录方向和 mRNA 一致。intronic antisense：整个 lncRNA 完全落于 mRNA 的 intron 中，转录方向和 mRNA 相反。intergenic：不属于上述五种的 lncRNA。	Intergenic
Associated_gene	在 relation 中判定与 lncRNA 有相互关系的 mRNA 的的基因 symbol	Zfp846
Associated_gene_description	基因描述	translation regulatory long non-coding RNA 1
Associated_gene_strand	基因序列正负链来源	+/-