

## =====文件=====

### 1. As\_Result.stat AS 结果统计文件

注: 第一列 AS:AS 代表的可变剪切类型;

其他各列: 代表样品名称,各列的数值代表每个样品中含有某种可变剪切的个数;

其中第一列的 AS 类型包括:

(1) TSS: Alternative 5' first exon (transcription start site) 第一个外显子可变剪切;

(2) TTS: Alternative 3' last exon (transcription terminal site) 最后一个外显子可变剪切;

(3) SKIP: Skipped exon(SKIP\_ON,SKIP\_OFF pair) 单外显子跳跃;

(4) XSKIP: Approximate SKIP (XSKIP\_ON,XSKIP\_OFF pair) 单外显子跳跃(模糊边界);

(5) MSKIP: Multi-exon SKIP (MSKIP\_ON,MSKIP\_OFF pair) 多外显子跳跃;

(6) XMSKIP: Approximate MSKIP (XMSKIP\_ON,XMSKIP\_OFF pair) 多外显子跳跃(模糊边界);

(7) IR: Intron retention (IR\_ON, IR\_OFF pair) 单内含子滞留;

(8) XIR: Approximate IR (XIR\_ON,XIR\_OFF pair) 单内含子滞留(模糊边界);

(9) MIR: Multi-IR (MIR\_ON, MIR\_OFF pair) 多内含子滞留;

(10) XMIR: Approximate MIR (XMIR\_ON, XMIR\_OFF pair) 多内含子滞留(模糊边界);

(11)AE: Alternative exon ends (5', 3', or both) 可变 5'或 3'端剪切;

(12) XAE: Approximate AE 可变 5'或 3'端剪切(模糊边界)。

注: X – exact boundary match for SKIP, approximate (simple exon overlap) for XSKIP;an exon skipping event as a pair between an exon containing ('on') splice form and an exon skipping ('off') splice

## 2. \*.AS.list.xls 样品可变剪切的结果文件

注:

- 第一列 event\_id: AS 事件编号;
- 第二列 event\_type: AS 事件类型;
- 第三列 gene\_id: 发生可变剪切的基因 ID;
- 第四列 chrom: 发生可变剪切的基因所在染色体;
- 第五列 event\_start: AS 事件起始位置;
- 第六列 event\_end: AS 事件结束位置;
- 第七列 event\_pattern: AS 事件特征;
- 第八列 strand: 基因正负链信息.

其中第七列事件特征描述内容: 第七列中的坐标表示:"," 连接的是内含子的起始终止坐标,"-"连接的是外显子的起始终止坐标;

对于 TSS, TTS 事件, 第七列表示可变边缘外显子的边界;

对于\*SKIP\_ON 事件, 第七列表示跳跃的外显子的坐标;

对于\*SKIP\_OFF 事件, 第七列表示封闭的内含子的坐标;

对于\*IR\_ON 事件, 第七列表示保留了内含子的较长外显子的边界坐标;

对于\*IR\_OFF 事件, 第七列表示单(多)内含子保留事件有关的一系列的外显子的坐标;

对于\*AE 事件, 第七列表示可变剪切外显子的坐标;

### 3. As\_event\_stat\*.png      各样品可变剪切事件统计柱状图

注:图中横坐标值表示属于一种可变剪接的转录本数,纵坐标表示 12 种可变剪切类型。