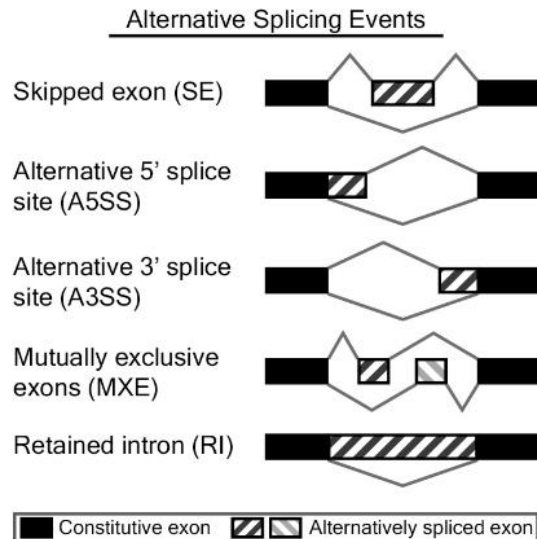


=====文件=====

*.MATS.JC.xls (*分别表示：A3SS， A5SS， MXE， RI， SE 这 5 种可变剪切事件)



可变剪切类型示意图

SE 可变剪切事件：

ID： ID 号（软件分析时附给基因的一个序号）

GeneID： 基因 ID

geneSymbol： 基因 symbol 号

Chr： 染色体号

Strand： 正负链信息

exonStart_0base： 外显子的起始位置（从 0 开始）

exonEnd： 外显子的终止位置

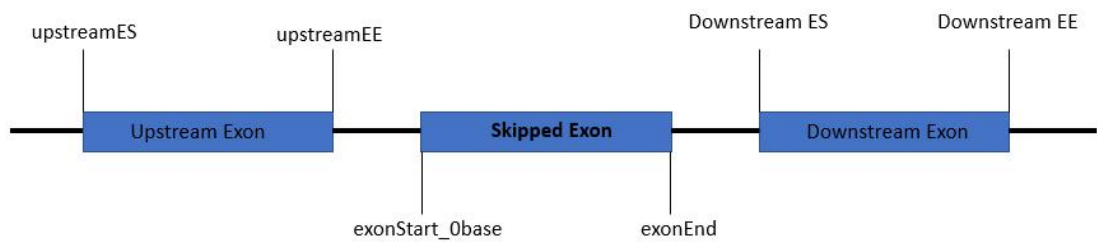
upstreamES： 上游外显子的起始位置

upstreamEE： 上游外显子的终止位置

downstreamES： 下游外显子的起始位置

downstreamEE： 下游外显子的终止位置(上述外显子位置如下所示)

（注：其他剪切事件这一部分信息有所不同，下面会分别说明。）

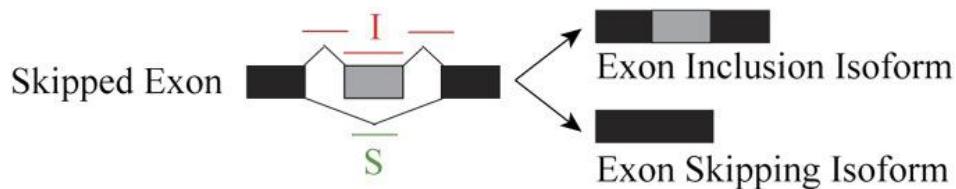


ID: ID 号

IC_SAMPLE_1, IC_SAMPLE_2: 两组样品在 inclusion junction (IJC) 下的 reads count 数; 不同样本的结果以逗号分隔;

SC_SAMPLE_1, SC_SAMPLE_2: 两组样品在 skipping junction counts (SJC) 下的 reads count 数; 不同样本的结果以逗号分隔;

IJC_SAMPLE 和 SJC_SAMPLE 这两种剪切后产物可参照下图来理解:



IncFormLen: Exon Inclusion isoform 的有效长度 (见上图);

SkipFormLen: Exon Skipping isoform 的有效长度;

PValue: 两个样本组之间可变剪切事件差异的显著性;

FDR: p-value 校正后的 FDR 值;

IncLevel1: 差异分组 group1 中不同样本的 InLevel 值(不同样本间以逗号分隔);

IncLevel2: 差异分组 group2 中不同样本的 InLevel 值 (以逗号分隔);

IncLevelDifference: average(IncLevel1) - average(IncLevel2);

A3SS 与 A5SS 剪切事件 (参考可变剪切类型示意图) :

其他信息同上;

longExonStart: 最长外显子起始位点;

longExonEnd: 最长外显子终止位点;

shortES: 最短外显子起始位点;

shortEE: 最短外显子终止位点;

flankingES: 邻近外显子起始位点;

flankingEE: 邻近外显子终止位点;

MXE 剪切事件 (参考可变剪切类型示意图):

其他信息同上;

1stExonStart_0base: 第一个外显子起始位点;

1stExonEnd: 第一个外显子起始位点;

2ndExonStart_0base: 第二个外显子起始位点;

2ndExonEnd: 第二个外显子起始位点;

upstreamES: 上游外显子的起始位置;

upstreamEE: 上游外显子的终止位置;

downstreamES: 下游外显子的起始位置;

downstreamEE: 下游外显子的终止位置;

RI 剪切事件 (参考可变剪切类型示意图):

其他信息同上;

riExonStart_0base: 发生 RI 的外显子的起始位置;

riExonEnd: 发生 RI 的外显子的终止位置;

upstreamES: 上游外显子的起始位置;

upstreamEE: 上游外显子的终止位置;

downstreamES: 下游外显子的起始位置;

downstreamEE: 下游外显子的终止位置;