

可变剪切分析

ASprofile 软件对 StringTie 预测出的基因模型对每个样品的 12 类可变剪切事件分别进行分类和数量统计。

=====文件=====

|-- As_event_stat*.png 可变剪切类型统计图

图中横坐标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。

|-- *.AS.list.xls 单个样品的可变剪切事件统计表

-- event_id	可变剪切事件 ID
-- event_type	可变剪切事件类型，具体见下行
-- gene_id	基因 ID
-- chrom	所在染色体
-- event_start	事件开始位置
-- event_end	时间结束位置
-- event_pattern	时间模式,即剪切位点的信息
-- strand	方向

12 类可变剪切事件可分为：

- (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）