

=====简介=====

TFBS (转录因子结合位点预测分析):

转录因子结合位点 (Transcription factor binding site , TFBS) 是与转录因子结合的 DNA 片段 , 长度通常在 5~20 bp 范围内 , 一个转录因子往往同时调控若干个基因 , 而它在不同基因上的结合位点具有一定的保守性 , 又不完全相同。

TFBS 的预测基于 R 包 - TFBStools 去分析的 ; 转录因子的 motif 数据库来源于 JASPAR 数据库 (<http://jaspar.genereg.net>) , 预测的是基因上游序列 (1 kb) 区域内的 TFBS。结果文件包括每个基因的 TFBS 预测结果和其 TFBS 的序列特征图。

=====文件=====

| -- *Genes_TFBS_predictRes.xls (newGenes_TFBS_predictRes.xls or
allGenes_TFBS_predictRes.xls)

Model_id	JASPAR 数据库转录因子 motif 编号
Seqname	预测的基因 ID
start	结合位点的起始位置
End	结合位点的终止位置
score	评分
strand	链方向
frame	. (无参考意义)
TF	转录因子
class	转录因子的注释
sequence	结合位点的序列

Pvalue P 值

=====文件夹=====

| -- each_DEgeneRes (只提供差异基因结果)

 *_TFBS_predictRes.txt (*表示差异基因 ID)

Model_id JASPAR 数据库转录因子 motif 编号

seqname 预测的基因 ID

start 结合位点的起始位置

End 结合位点的终止位置

score 评分

strand 链方向

frame . (无参考意义)

Attributes 转录因子的信息，包含注释及结合位点的序列

Pvalue P 值

=====文件夹=====

| -- DEG_seqLogo

 各个差异基因的 TFBS 序列特征图

 横坐标为 motif 中碱基的相对位置，纵坐标为该位置碱基的序列保守性，而碱基信号的高度代表该碱基在该位置上的相对频率。