**=========================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（１kb）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。