**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）