

SE.MATS.JC

ID	GeneID	geneSymbol	chr	strand	exonStart_Obase	exonEnd	upstreamES	upstreamEE	downstreamES	downstreamEE
41124	ENSG00000185507.21	IRF7	chr11	-	614173	614399	613950	614037	614475	614534
					Début de l'exon skippé	Fin de l'exon skippé	Début de l'exon en amont de l'exon skippé	Fin de l'exon en amont de l'exon skippé	Début de l'exon en aval de l'exon skippé	Fin de l'exon en aval de l'exon skippé

SE.MATS.JC

ID	IJC_SAMPLE_1	SJC_SAMPLE_1	IJC_SAMPLE_2	SJC_SAMPLE_2	IncFormLen	SkipFormLen	PValue
41124	2,5,12	0,0,1	6,2,14	4,2,1	198	99	3.03124579494e-05
	Permet de calculer les IncLevel	Permet de calculer les IncLevel	Permet de calculer les IncLevel	Permet de calculer les IncLevel	Permet de calculer les IncLevel	Permet de calculer les IncLevel	Comme on a fait des tests statistiques multiples, il est plus intéressant de regarder la FDR

FDR	IncLevel1	IncLevel2	IncLevelDifference
0.02130207982394085	1.0,1.0,0.857	0.429,0.333,0.875	0.407
Parmis tous les gènes trouvés significatifs, il y a ~ 2.1% (< 5%) de chance que ce gène soit un Faux Positif (test statistique significatif alors qu'en réalité non)	Pour les 3 réplicats (séparé par des virgules) de la conditions 1 (Ctrl/sans virus), on a en moyenne : $(1+1+0.857) / 3 \Rightarrow 95 \%$ d'inclusion de cet exon dans les transcrits	Pour les 3 réplicats (séparés par des virgules) de la conditions 2 (avec virus), on a en moyenne : $(0.429+0.333+0.857) / 3 \Rightarrow 54 \%$ d'inclusion de cet exon dans les transcrits	$\text{moy(IncLevel1)} - \text{moy(IncLevel2)}$ $\Rightarrow 0.95 - 0.54 \Rightarrow 0.407 \Rightarrow$ L'inclusion de l'exon a varié de 40,7 % entre les 2 conditions (Infecté et Contrôle)