

Gene 的表达：

=====文件=====

|-- gene_counts.xls 所有基因的表达量(比对片段数)矩阵文件（重要文件）

|-- gene_expression.xls 所有基因的表达量(fpkm)矩阵文件（重要文件）

=====文件夹=====

|-- PNG 表达量分布图/样品间相关性