

WGCNA 结果说明文档

#####所示内容为按分析过程先后得到

```
-- Fig.1.hclust.pdf          ### 基于基因表达量的样本层次聚类图
-- Fig.2.PCA_result.2D.pdf   ### PCA 分析二维结果图
-- Fig.2.PCA_result.3D.pdf   ### PCA 分析三维结果图
-- removeGene.xls           ### 过滤掉离群基因
-- removeSample.xls         ### 过滤掉离群样本
-- trait_data.xls           ### 样本特征文件
-- Fig.4.sample_correlation_pheatmap.pdf   ### 样本间相关性热图
-- Fig.5.Sample dendrogram and trait heatmap.png   ### 样本聚类 and 样本特征结合混合图
-- Fig.6.Scale Free Topology and mean.png   ### 参数选择图（用于加权的相关性分析软阈
                                             值）
-- Fig.7.1.Gene clustering on TOM-based dissimilarity.png   ### 利用 TOM 计算结果树状聚类图
-- Fig.7.2.Gene dendrogram and module colors.png   ### TOM 树状聚类图 and module 颜色混合图
-- Fig.8.Clustering of module eigengenes.pdf   ### 合并相似 module 内基因的参数图示
-- Fig.7.3.Dynamic Tree Cut.png   ### 合并 module 后树状图 and module 颜色混合图
-- Fig.8.1.networkHeatmap.pdf   ### 基因共表达网络热图
-- Fig.9.Module-Trait Correlation.pdf   ### module 与样本类型相关性热图
-- Fig.10.1.meta-module hclust and heatmap.pdf   ### module 间聚类与相关性混合图
-- Fig.11.1.gene_dendrogram_with_trait.pdf   ### TOM 树状图 and 基因与样本间相关性热图
-- Fig.12.[...].Module membership vs gene significance.pdf   ### 各个 module 内的 MM 值与显著性
                                             值对比图

-- Module gene ID list      ### 各 module 内基因的组成列表
| -- IDs-blue2.txt          ### 模块 blue2 的成员
| -- IDs-blue3.txt          ### 模块 blue3 的成员
| -- .....
|
-- Module gene top N number ID list      ### 各 module 内前 N 个基因的组成列表
| -- IDs-top-blue2.txt          ### 模块 blue2 的成员
| -- IDs-top-blue3.txt          ### 模块 blue3 的成员
| -- .....
|
-- VisANT                    ### 可视化程序 VisANT 的分模块输入文件（按 kME 值选
                             取）
| -- VisANTInput-blue2_all.txt   ### 模块 blue2 基因用于 VisANT 程序输入的文件
| -- VisANTInput-blue3_all.txt   ### 模块 blue3 基因用于 VisANT 程序输入的文件
| -- .....

-- Top N gene module kME to VisANT      ### 经 kME 过滤后的基因，模块，kME 值列表
| -- VisANTInput-blue2-top150.txt   ### 模块 blue2 前 150 个基因用于 VisANT 程序输入
                             的文件
| -- VisANTInput-blue3_top150.txt   ### 模块 blue3 前 150 个基因用于 VisANT 程序输入
                             的文件
| -- .....
|
-- Top N gene module kME to Cytoscape   ### 经 kME 过滤后的基因，模块，kME 值列表
```

```
| |-- Cytoscape_Input-edges-top150-blue2.txt    ### 模块可视化：模块 blue2 前 150 个基因用于
Cytoscape 程序输入的“边”文件
| |-- Cytoscape_Input-edges-top150-blue2.txt    ### 模块可视化：模块 blue2 前 150 个基因用于
Cytoscape 程序输入的“点”文件
| `-- .....

|-- *****.RData 镜像文件                    ### 用于存储工作镜像的文件
```