

=====文件=====

1. *DEU_Result_Final.xls 差异 DEU 分析结果文件

注:第一列: geneID:基因编号

第二列: exonID:外显子编号

第三列: log2(FC):表达量差异倍数的对数值;

第四列: pvalue:差异显著性 p 值;

第五列: FDR:错误发现率;

2. *DEU_Result_All.xls 所有外显子 DEU 分析结果统计文件基因

注:第一列 groupID: 编号;

第二列: featureID: 外显子编号;

第三列: exonBaseMean: 外显子在所有样本中的 count 数平均值;

第四列: dispersion: 外显子离差估计;

第五列: stat: 对照样本间似然比(LRT)检验统计值;

第六列: pvalue: 对照样本差异显著性 p 值(LRT 检验);

第七列: padj: 错误发现率;

第八列: case: 实验组的外显子使用系数;

第九列: control: 对照组的外显子使用系数;

第十列: log2fold_case_control: 表达量差异倍数的对数值;

第十一列: genomicData.seqnames: 外显子所在染色体名称;

第十二列: genomicData.start: 外显子所在染色体的起始位置;

第十三列: genomicData.end: 外显子所在染色体的终止位置;

第十四列: genomicData.width: 外显子长度;

第十五列: genomicData.strand: 外显子所在基因的位置链信息;

第十六列: countData.*: 外显子在不同样品中的 Count 值;

第十七列: transcripts: 外显子所属转录本编号;

=====文件夹=====

└─ DEXSeqReport DEU 分析结果的网页呈现形式

testForDEU.html DEU 网页版报告

files DEU 分析组合结果网页调用到的结果文件, 文件夹.