

=====文件=====

1. All.DEG.Expression.xls 所有基因的表达量(fpkm)矩阵文件

注:第一列表示基因 ID,即所有分组中差异表达基因的交集,其余各列表示基因在各样品中的表达量

2.All.DEG_gene_annotation.xls 差异基因中具有功能注释的信息表

注:第一列:ID 差异基因的 ID;

L * 列:该差异基因在样品中的 FPKM 值;

* _annotation:该差异基因在相应注释库中的注释信息;

###维恩图

1. All_DEG_venn.genes 各差异表达基因集元素列表

注:所有分组中的差异表达基因汇总表,每一列表示一个分组的所有差异表达基因;

2. All_DEG.veen.png 差异表达基因维恩图

注:图中每一个圆代表一个差异分组,圆的交集代表共有的差异表达基因,在集合中标识了相应的基因个数;

3. All_DEG_venn.stat 各差异表达基因集数目统计表

注:第一列代表集合,单个差异分组表示该分组特有的差异表达基因集,多个差异分组之间以逗号分隔,代表共有的差异表达基因集;第二列表示对应的集合的个数。

###差异基因统计

1. DEG.anno.stat 各差异表达基因集的功能注释统计表

注:第一列:DEG Set 差异表达基因集名称

第二列:Annotated:注释到的差异表达基因数目

COG:注释到 COG 数据库的差异表达基因数目

KOG:注释到 KOG 数据库的差异表达基因数目

GO:注释到 GO 数据库的差异表达基因数目

KEGG:注释到 KEGG 数据库的差异表达基因数目

NR:注释到 NR 数据库的差异表达基因数目

Swiss-Prot:注释到 Swiss-Prot 数据库的差异表达基因数目

NT:注释到 NT 数据库的差异表达基因数目

TrEMBL:注释到 TrEMBL 数据库的差异表达基因数目

eggNOG:注释到 eggNOG 数据库的差异表达基因数目

2. DEG.stat 各差异表达基因集数目统计表

注:第一列:DEG Set:差异表达基因集名称

第二列:DEG Number:差异表达基因数目

第三列:up-regulated:上调基因的数目

第四列:down-regulated:下调基因数目

###差异基因聚类热图

1. all_sample_DEG_cluster.png 所有差异表达基因表达模式聚类图(png 格式)

注:图中横坐标代表样品名称及样品的聚类结果,纵坐标代表的差异基因及基因的聚类结果。

图中不同的列代表不同的样品,不同的行代表不同的基因。颜色代表了基因在样品中的表达量水平 $\log_2(\text{FPKM}+1)$ 。

2. all_sample_DEG_cluster.pdf 所有差异表达基因表达模式聚类图(pdf 格式)

注:图中横坐标代表样品名称及样品的聚类结果,纵坐标代表的差异基因及基因的聚类结果。

图中不同的列代表不同的样品,不同的行代表不同的基因。颜色代表了基因在样品中的表达量水平 $\log_2(\text{FPKM}+1)$ 。

3. all_sample_DEG_cluster.txt 所有差异表达基因表达模式聚类树型结果文件

注:文件中通过缩进展示了差异表达基因聚类树的结构信息,包括聚类树的分枝、叶片(基因)、以及分枝和叶片的高度(位置),与所有差异表达基因表达模式聚类图对应。

###Kmeans 聚类分析

1.k-means.png Kmeans 聚类图

注: x 轴表示实验条件;

y 轴表示标准化的 FPKM。

黑色线条表示这个 cluster 中的所有基因在不同实验条件下相对表达量的平均值的折线图。