

KEGG\_enrichment            差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因的通路富集目录

=====文件=====

1.\*Kegg.ko            差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因在 KEGG 数据库注释文件,其中:  
注：第一列:#Gene\_id 是 lncRNA 顺式（反式）靶基因的序列 ID  
第二列: KO|e\_value|Database\_Genes|Anno 注释结果信息,KO 代表的是 KEGG Orthology,KEGG 数据库中同源序列分类编号,e\_value 是 lncRNA 顺式（反式）靶基因序列和 KEGG 中的基因比对 E 值,Database\_Genes 是基因在 KEGG 数据库中比对上的具体基因 ID,Anno 是比对上的具体基因的功能描述。

2.\*.KEGG.xls            KEGG 通路中包含的 lncRNA 顺式（反式）靶基因信息  
注：第一行:#KEGG\_n 是和通路相关的差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因总数,KEGG\_N 是和通路相关的所有基因总数;  
第一列 Pathway:通路名称;  
第二列 ko\_ID:通路编号;  
第三列 DEG\_in\_Pathway: 和此通路相关的差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因个数;  
第四列 AllGene\_in\_Pathway: 和此通路相关的所有 lncRNA 顺式（反式）靶基因个数;  
第五列 P-value:利用超几何分布计算的通路富集 P 值  
第六列 Corrected\_P-value:利用 Bonferroni 校正后的 P 值  
第七列 和此通路相关的差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因 ID;  
第八列 和此通路相关的 lncRNA 顺式（反式）靶基因 ID 对应的 KEGG Orthology;

3.\*.KEGG.list            差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因的通路富集结果文件  
注：第一列 #pathway:通路名称  
第二列 ko:通路编号  
第三列 enrichment\_factor:此通路的富集因子  
第四列 correct\_p:此通路富集分析结果校正后的 p 值

4.\*.KEGG.png            为差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因 KEGG 分类图  
注：横坐标为注释到此通路上的差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因个数占有通路相关的总差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因个数的比值,柱子上的数字是和此通路相关的差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因个数,柱子颜色相同代表是相同的类别;纵坐标为 KEGG 代谢通路的名称,左侧部分是具体通路名称,右侧部分是每个通路对应的分类类别。

5.\*.KEGG.Phase.png      通路的富集因子图  
注：横坐标是富集因子数,数字越大,代表通路富集可能性越大;纵坐标是通路富集分析校正后的 p 值的负对数值,p 值越小,它的负对数值越大,通路富集可能性越高;所以图中越靠近右上角,通路富集可能性越高。

KEGG\_map            差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因的 KEGG 通路映射结果目录

=====文件=====

ko\*.html            差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因在\*通路上的映射网页版

ko\*.png

本结果  
差异表达 lncRNA 顺式（反式）靶基因在\*通路上的映射图