

=====文件=====

- 1.*DEG_lncRNA2Target_Cytoscape.input.txt 差异 lncRNA 的靶基因调控网络
注：第一列：差异表达的 lncRNA；
第二列：差异表达的 lncRNA 的靶基因 ID；
第三列：差异表达的 lncRNA 的靶基因个数；
- 2.*.DEG.xls 差异表达 lncRNA 结果
注:第一列表示 lncRNA ID,其后几列表示 lncRNA 在各分组的 counts 值和表达量以及差异表达信息,包括错误发现率 FDR,差异倍数(Fold Change, FC),调控信息(up 表示上调表达 lncRNA,down 表示下调表达).
- 3.*.cor.png 所有 lncRNA 在分组内表达量相关性图
注:图中每一个点代表一个 lncRNA,横坐标和纵坐标分别对应 lncRNA 在不同处理(如实验或对照)中的表达量以 $\log_2(\text{FPKM}+1)$ 转换后的数值,同时在图中标识了对角线和相关性系数 r 的平方值。点在对角线附近越集中,则两个处理(实验和对照)中 lncRNA 表达量相关性越强,偏离对角线的点代表差异表达 lncRNA。
- 4.*.MA.png 差异表达 MA 图
注:差异表达 lncRNA MA 图中每一个点代表一个 lncRNA。横坐标为 A 值: $\log_2(\text{FPKM})$,即两样品中表达量均值的对数值;纵坐标为 M 值: $\log_2(\text{FC})$,即两样品间 lncRNA 表达量差异倍数的对数值,用于衡量表达量差异的大小。图中绿色的点代表下调差异表达 lncRNA,红色的点代表上调差异表达 lncRNA,黑色的点代表非差异表达 lncRNA。
- 5.*.Volcano.png 差异表达火山图
注:差异表达火山图中的每一个点表示一个 lncRNA,横坐标表示某一个 lncRNA 在两样品中表达量差异倍数的对数值;纵坐标表示 lncRNA 表达量变化的统计学显著性的负对数值。横坐标绝对值越大,说明表达量在两样品间的表达量倍数差异越大;纵坐标值越大,表明差异表达越显著,筛选得到的差异表达 lncRNA 越可靠。图中绿色的点代表下调差异表达 lncRNA,红色的点代表上调差异表达 lncRNA,黑色的点代表非差异表达 lncRNA。
- 6.*DEG.cluster.pdf 差异表达 lncRNA 表达模式聚类图(pdf 格式)
注: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 lncRNA 及 lncRNA 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 lncRNA。颜色代表了 lncRNA 在样品中的表达量水平 $\log_2(\text{FPKM}+1)$
- 7.*.DEG.cluster.png 差异表达 lncRNA 表达模式聚类图(png 格式)
注: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 lncRNA 及 lncRNA 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 lncRNA。颜色代表了 lncRNA 在样品中的表达量水平 $\log_2(\text{FPKM}+1)$
- 8.*.DEG.cluster.txt 差异表达 lncRNA 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 lncRNA 的详细信息,包括聚类树的分枝、叶片(lncRNA)、以及分枝和叶片的高度(位置),与差异表达 lncRNA 聚类图对应。