

=====文件=====

1.*.DEG_gene.fa 差异表达基因的 fasta 序列

注： 以 " > " 开始为基因的标注行；
第二行开始为基因的序列。

2. *.DEG_final.xls 差异表达基因整合结果

注:第一列表示基因 ID,其后几列表示基因在各分组的 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 表示上调表达基因,down 表示下调表达)。

3. *.cor.png 所有基因在分组内表达量相关性图

注:图中每一个点代表一个基因,横坐标和纵坐标分别对应基因在不同处理(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)中基因表达量相关性越强,偏离对角线的点代表差异表达基因。

4. *.MA.png 差异表达 MA 图

注:差异表达基因 MA 图中每一个点代表一个基因。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: $\log_2(\text{FC})$,即两样品间基因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基因,红色的点代表上调差异表达基因,黑色的点代表非差异表达基因。

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基因,横坐标表示某一个基因在两样品中表达量差异倍数的对数值;纵坐标表示基因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基因越可靠。图中绿色的点代表下调差异表达基因,红色的点代表上调差异表达基因,黑色的点代表非差异表达基因。

6. *.DEG.cluster.pdf 差异表达基因表达模式聚类图(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 $\log_2(\text{FPKM}+1)$

7. *.DEG.cluster.png 差异表达基因表达模式聚类图(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 $\log_2(\text{FPKM}+1)$

8. *.DEG.cluster.txt 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的详细信息,包括聚类树的分枝、叶片(基因)、以及分枝和叶片的高度(位置),与差异表达基因聚类图对应。