

```

|—— BMK_1_Statistics_Visualization#分组样品差异表达基因的统计和可视化结果
| |—— Group*.DEG.cluster.pdf    #分组样品差异表达基因的聚类图（pdf 格式）
| |—— Group*.cluster.png        #分组样品差异表达基因的聚类图（png 格式）
| |—— Group*.DEG.cluster.txt    #分组样品差异表达基因的聚类结果及距离
| |—— Group*.FC_count.png       #分组样品中差异表达基因的火山图（png 格式）
| |—— Group*.FC_FDR.png         #分组样品差异表达基因的 MA 图（png 格式）
| |—— Group*.DEG_cor.png        #差异表达基因在分组样品中表达的散点分布图（png
格式）
| |—— Group*.DEG.xls            #分组样品差异表达基因在样品中表达的统计结果
| |—— Group*.all.gene.xls       #所有基因在分组样品中表达的统计结果
| |—— Group*.annotation.xls    #所有差异基因在分组样品中功能注释的结果
| |—— ReadMe.pdf                #说明文档

```

文件: DEG.cluster.png , DEG.cluster.pdf

为所有差异表达基因的表达量聚类结果(pdf 格式和 png 格式),

横坐标是基因,纵坐标是样本。颜色代表表达值的高低,由蓝至黄代表表达值由高至低。

#####

文件: *.DEG.cluster.txt

聚类图结果对应的 GeneID 名称聚类形式

#####

图片: *.volcano.png

差异表达火山图,每个点表示一个基因,横坐标表示某一个基因在两样品中表达量倍数的对数值,其绝对值越大,说明表达量在两样品间的表达量倍数差异越大;纵坐标表示 FDR 值的负对数值,其值越大,表明差异表达越显著,筛选得到的差异表达基因越可靠。

图中绿色和红色的点代表有显著性表达差异的基因,绿色代表基因表达量下调,红色代表基因表达量上调,黑色的点代表无显著性表达差异的基因。

#####

图片: *.MA.png

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。

图中绿色和红色的点代表有显著性表达差异的基因,绿色代表基因表达量下调,红色代表基因表达量上调,黑色的点代表无显著性表达差异的基因。

#####

图片: *.DEG_cor.png

描述了表达基因在两个样品中表达值($\log_{10}(\text{FPKM}+1)$)的散点分布图。横坐标为在 T01 样品中的 FPKM 对数值,纵坐标为在 T03 样品中的 FPKM 对数值,

#####

文件: *.all.gene.xls

文件存储了基因在 2 组样品基因表达量信息。

#ID 为基因的名字;

*_FPKM: 基因在样品中的表达水平 (FPKM 值)

FDR: 计算差异表达的 FDR 值

$\log_2\text{FC}$:A_vs_B 组合中样品 B 相对于样品 A 的表达量倍数;

regulated: 基因在 B 样品中的表达相对于 A 样品是上调(up)还是下调 (down)