├── 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：log2(FPKM)，即两样品中表达量均值的对数值；纵坐标为M值：log2(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（log10(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

log2FC: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）