Pc端

一、项目概况

1.质控信息

a)样品质检报告（DOC文档命名：通知单号+\_QC\_Report.doc，如： **BH160778-ZB-1\_QC\_Report.doc**

）

　　　存放在 **qc/Sample\_QC\_Report/**文件夹下

b)芯片扫描截图

　　　存放在 data 文件夹下，截图名为.jpg格式，名称从1递增（如1.jpg,2.jpg）

c)芯片质控报告

　　　存放在**qc/**文件下(包括**qc.txt（共用手机端）** 、 **Chip\_QC\_Report.doc**)

d)Box Plot

存放在**qc/box\_plot.png**

2.样本分组情况

　　　a)Pca

　　　b)样品聚类图

　　　c)样品相关性图

　　mRNA的PCA、hclust、correlation图片存放在index/mRNA文件夹下PCA.png、hclust.png、correlation.png

　　lncRNA的PCA、hclust、correlation图片存放在index/lncRNA文件夹下PCA.png、hclust.png、correlation.png

　　circRNA的PCA、hclust、correlation图片存放在index/circRNA文件夹下PCA.png、hclust.png、correlation.png

\*data.zip压缩文件存放在index文件夹下，用来存放PCA、样本聚类、correlation所有数据

3.数据分析文档

芯片数据分析（**Chip\_data\_analysis.docx**） 存放在**qc/**文件夹下

4.实验文档

实验方法(**qc/ExperimentalMethod.doc**) 存放在**qc/**文件夹下

二、差异筛选结果

1.差异基因数目统计

a)circRNA=> 存放在diff/circRNA文件夹下，包括文件：

diff\_up\_down\_gene\_count.xls

diffgene.txt

b)lncRNA=> 存放在diff/lncRNA文件夹下，包括文件：

diff\_up\_down\_gene\_count.xls

diffgene.txt

c)mRNA=> 存放在diff/mRNA文件夹下，包括文件：

diff\_up\_down\_gene\_count.xls

diffgene.txt

备注：diffgene.txt文件内容格式是以tab键分割内容

2.差异基因列表

a)总表 存放在diff/SummaryListing 文件夹下，包括文件：

i.Normalized\_Data.txt

ii.Normalized\_Data.xlsx

Iii.total.png是Normalized\_Data.xlsx文件内容的截图

b)差异表

i.circRNA=> 所有的txt,xls文件存放在**diff/DifferencesListing/circRNA/list/**文件夹下,

header\_m\_ceR.pdf(表头说明文档)存放在**diff/DifferencesListing/circRNA/**文件夹下

ii.lncRNA=>所有的txt,xls文件存放在**diff/DifferencesListing/lncRNA/list/**文件夹下 ,

header\_lnc\_ceR.pdf(表头说明文档)存放在**diff/DifferencesListing/lncRNA/**文件夹下

iii.mRNA=>所有的txt,xls文件存放在**diff/DifferencesListing/mRNA/list/**文件夹下 ,

header\_circ\_ceR.pdf(表头说明文档)存放在**diff/DifferencesListing/mRNA/文件夹下**

iv.mRNA.png、lncRNA.png、circRNA.png分别是Differentially\_expressed\_genes\_mRNA.xlsx、Differentially\_expressed\_genes\_lncRNA.xlsx、Differentially\_expressed\_genes\_circRNA.xlsx表格内容的截图

都存放在**diff/DifferencesListing/**文件下

3.lncRNA靶基因 存放在predication文件夹下，包括文件：

a)DIFF\_GENES\_CIS.xlsx

b)DIFF\_GENES\_TRANS.xlsx

c)LncRNA\_Target\_genetic\_prediction.pdf (LncRNA 靶基因预测说明文档)

4.circRNA MRE 存放在MRE文件夹下，包括文件：

a)g2\_VS\_g1\_p005fc2\_MRE.xls

b)circRNA\_microRNA\_MRE\_result.pdf（circRNA\_microRNA\_MRE结果说明）

5.Volcano

a)circRNA=>g2\_VS\_g1\_volcano\_plot.png 存放在diff\circRNA

b)lncRNA=>g2\_VS\_g1\_volcano\_plot.png 存放在diff\lncRNA

c)mRNA=>g2\_VS\_g1\_volcano\_plot.png 存放在diff\mRNA

6.Scatter

a)circRNA=>scatterplot.png 存放在diff\circRNA

b)lncRNA=>scatterplot.png 存放在diff\lncRNA

c)mRNA=>scatterplot.png 存放在diff\mRNA

7.Heatmap

a)circRNA=>g2\_VS\_g1\_p005fc2.txt\_heatmap\_plot.png、 存放在diff\circRNA

g1\_VS\_g2\_p001fc2.txt\_heatmap\_plot.png

b)lncRNA=>g2\_VS\_g1\_p005fc2.txt\_heatmap\_plot.png 存放在diff\lncRNA

g1\_VS\_g2\_p001fc2.txt\_heatmap\_plot.png

c)mRNA=>g2\_VS\_g1\_p005fc2.txt\_heatmap\_plot.png 存放在diff\mRNA

g1\_VS\_g2\_p001fc2.txt\_heatmap\_plot.png

三、富集分析

1.Go富集

a.GO富集分析结果图存在放enrich\g1\_VS\_g2\_p005fc2\_go\_enrichment.png（命名以”\_go\_enrichment”结尾，图片是png格式）

b.go\_enrichment.zip压缩包包括go富集的所有数据，存放在enrich文件夹下

1. Kegg富集
2. kegg富集分析结果图存在放enrich\g1\_VS\_g2\_p005fc2\_kegg\_enrichment.png（命名以”\_kegg\_enrichment”结尾，图片是png格式）
3. kegg\_enrichment.zip压缩包包括kegg富集的所有数据，存放在enrich文件夹下
4. pathway.zip压缩包包括kegg富集的所有数据，存放在enrich文件夹下

四、文章常用数据

原始数据:rawdata.zip压缩包 存放在data文件夹下

所有结果文件：All\_Data.zip压缩包包括所有分析数据不包括原始数据，存放在50个字符串命名的文件夹下（当前文件下）