

=====文件=====

1. All_gene.fa 检测到的所有的基因序列，包括已知序列和新序列
2. All_Gene.longest_transcript.fa 检测到的所有基因的最长转录本序列

=====文件夹=====

1. BMK_1_AllGene_Anno 所有基因的功能注释结果