

=====文件=====

1. \*.newGene.longest\_transcript.fa.COG.cluster.png      新基因的 COG 分类统计结果图  
注:横坐标为 COG 各分类内容,纵坐标为基因数目。在不同的功能类中,基因所占多少反映对应时期和环境下代谢或者生理偏向等内容,可以结合研究对象在各个功能类的分布做出科学的解释。
2. \*.newGene.longest\_transcript.fa.COG.cluster.stat      新基因的 COG 分类统计结果表  
注:      #ID Cog      注释结果编号  
         Class\_Name      Cog 注释分类名称  
         Numbers      某个分类上注释到的基因数目
3. \*.newGene.longest\_transcript.fa.GO.png      && \*.newGene.longest\_transcript.fa.GO.pdf  
新基因 GO 分类统计结果图  
注:横坐标为 GO 分类,纵坐标左边为基因数目所占百分比,右边为基因数目。此图展示的是在全部基因背景下 GO 各二级功能的基因富集情况。(pdf 为可编辑文件)
4. \*.newGene.longest\_transcript.fa.GO\_enrichment.stat.xls 新基因 GO 分类统计结果表  
注: #GO\_classify1      GO 一级分类名称  
         GO\_classify2      GO 二级分类名称  
         \* Unigene      某一分类的基因数目  
         #Total      注释到 GO 数据库的全部基因数目
5. \*.newGene.longest\_transcript.fa.KOG.cluster.png      新基因的 KOG 分类统计结果图  
注:横坐标为 KOG 各分类内容,纵坐标为基因数目。
6. \*.newGene.longest\_transcript.fa.KOG.cluster.stat      新基因的 KOG 分类统计结果表  
注:      #ID Kog      注释结果编号  
         Class\_Name      Kog 注释分类名称  
         Numbers      某个分类上注释到的基因数目
7. \*.newGene.longest\_transcript.fa.NR.lib.png NR  
注释中比对上不同物种分布统计。展示了注释到某物种上的基因数目以及占总检测到的基因的比例
8. \*.newGene.longest\_transcript.fa.NR.lib.stat NR      注释中比对上不同物种分布统计表  
注:      #Species\_Name      注释到的物种名称  
         Homologous\_Number      注释到某物种上的基因数目  
         Ratio      注释到某物种的基因占总检测到的基因的比例
9. \*.newGene.longest\_transcript.fa.eggNOG.cluster.stat      新基因的 eggNOG 分类统计表  
注:      #ID      eggNOG 注释结果编号  
         Class\_Name      eggNOG 注释分类名称  
         Numbers      eggNOG 某个分类上注释到的基因数目
10. \*.newGene.longest\_transcript.fa.eggNOG.cluster.png 新基因的 eggNOG 分类统计结果图  
注: 横坐标为 eggNOG 各分类内容, 纵坐标为基因数目。

注: 不存在的文件表示没有对该项内容进行分析