

=====文件=====

1. All_Database_annotation.xls	所有基因功能注释汇总表（6个sheets）
(1). Integrated_Function.anno	所有基因的注释信息
注： #GeneID	基因名称
COG_class	COG库注释的功能编码
COG_class_annotation	COG库功能注释
GO_annotation	GO注释
KEGG_annotation	KEGG库注释
KEGG_pathway_annotation	KEGG通路
KOG_class	KOG库注释的功能编码
KOG_class_annotation	KOG库注释
Swiss-Prot_annotation	Swissprot库注释
TrEMBL_annotation	TrEMBL库注释
eggNOG_class	eggNOG分类编码
eggNOG_class_annotation	eggNOG分类注释
NR_annotation	nr库注释
NT_annotation	nt库注释
Pfam_annotation	Pfam库注释
(2). Function_anno.stat	注释结果统计
注： #Anno_Database	注释用的数据库
Annotated_Number	注释到的基因数目
300<=length<1000	注释到的基因长度在300到1000的数目
length>=1000	注释到的基因长度大于等于1000的基因数目
(3). GO.list	每个基因注释到GO数据库上的编号
(4). GO_tree.stat	对于各个GO功能分类，注释到的基因统计
注： #GO_Function	GO功能分类
Gene_number	注释到的基因数目
Gene_ID	注释到的基因名称
(5). KEGG.pathway	KEGG上注释到的基因信息
注： #pathway pathway	名称
pathway_id pathway	ko编号（一个ko编号表示一个通路）
Gene_number	注释到某pathway上的基因数目
Gene_id	注释到某pathway上的基因名称
KOs	KO分类信息（一个代谢通路上有哪些KO分类，它是蛋白质（酶）的一个分类体系，序列高度相似，并且在同一条通路上有相似功能的蛋白质被归为一组，然后打上KO（或K）标签）
(6). KEGG.ko	每个基因的kegg注释信息
注： #Gene_id 基因编号	
KO e_value Database_Genes Anno	四列值，分别表示基因的KO编号，E值，数据库中注释的基因以及功能注释

2. *_Gene.COG_class.txt

注: #Gene name	基因在COG 上注释的详细信息
Protein name in COG	基因名称
E_value	COG 中注释的相应蛋白质的名字
Identity	E 值
Score	比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
Organism	打分值
COG id	物种名
COG class defination	COG 的功能编号
Function code	COG 对功能的描述
Functional categories	COG 功能分类编号
	COG 对功能类别的描述(如果同时注释到两个功能类别, 此处为--)
Function class defination	COG 对功能类别的定义(如果同时注释到两个功能类别, 此处为--)

3. *_Gene.GO.anno.txt

注: #Gene	各基因注释到GO 数据库的信息统计
Number	基因名称
GO_Anno	某基因注释到的GO 类别数目
	注释到的GO 类别

4. *_Gene.KOG_class.txt

注: #Gene name	基因在KOG 上注释的详细信息
Protein name in KOG	基因名称
E_value	KOG 中注释的相应蛋白质的名字
Identity	E 值 比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
Score	比 打分值
Organism	物种名
KOG id	KOG 的功能编号
KOG class defination	KOG 对功能的描述
Function code	KOG 功能分类编号
Functional categories	KOG 对功能类别的描述(如果同时注释到两个功能类别, 此处为--)
Function class defination	KOG 对功能类别的定义(如果同时注释到两个功能类别, 此处为--)

5. *_Gene.NR.anno.txt

注: #NrGeneID	基因的NR 注释结果
Database_ID	基因名称
E_value	注释到数据库的基因编号
Identity	E 值
Score	比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
	打分值

Annotation	功能注释
6. *_Gene.NT.anno.txt	基因在NT 数据库中的注释结果
注: #NtGeneID	基因名称
Database_ID	注释到数据库的基因编号
E_value	E 值
Identity	比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
Score	打分值
Annotation	功能注释
7. *_Gene.Swiss-Prot.anno.txt	基因在Swiss-Prot 上的注释结果
注: #SwissprotGeneID	基因名称
Database_ID	注释到数据库的基因编号
E_value	E 值
Identity	比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
Score	打分值
Annotation	功能注释
8. *_Gene.TrEMBL.anno.txt	基因在TrEMBL 上的注释结果
注: #TrEMBLGeneID	基因名称
Database_ID	注释到数据库的基因编号
E_value	E 值
Identity	比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
Score	打分值
Annotation	功能注释
9. *_Gene.Pfam.anno.txt	所有的基因在Pfam 数据库中的注释结果
注: #Gene_ID	基因名称
Pfam_IDs	比对上的Pfam 数据库的编号
Pfam_Description	比对上的 Pfam 数据库的描述
10. *_Gene.Pfam.anno.details	所有的基因注释到Pfam 数据库的结果统计
注: # target name	注释到的基因名
accession	注释到的基因在Pfam 数据库中的检索号
query name	检索基因名(新基因)
accession	查询序列的检索号, 如果没有用“-”表示 E-
value(全长序列的比对结果)	序列匹配的 E 值 score(全长序列的比对结果)
bias(全长序列的比对结果)	序列匹配的打分
E-value(比对上的最好的一个domain 的结果)	基于null2 模型的偏差校正 (高值可能意味着假阳性结果)
score	序列匹配的 E 值, 如果这个值比较高, 而整个序列的比对 E 值较低, 说明整个结果可能是一个假阳性, 较低的 E 值是由多个不够好的 hits 组合形成的, 或者序列中含有重复序列。
bias	序列匹配的打分
	null2 偏差校正

exp(domain 的数目评估)	domains 数据的期望值
reg(domain 的数目评估)	彼此独立的区域（discrete regions）的数目。一般来说和 exp 很接近，如果两者相差很大，说明这些区域互相不独立。
clu(domain 的数目评估)	可能有多个domain 的区域，通常是 0
ov(domain 的数目评估)	在由随机回溯分类中定义类别和其他类别有重合的数目
env(domain 的数目评估)	定义的所有类的数目，包括单独的类区域或者由随机回溯聚类成的一个区域中的多个类。
dom(domain 的数目评估)	定义的domain 的数目。通常和env 的数目一致
rep(domain 的数目评估)	满足输出阈值的domain 的数目
inc(domain 的数目评估)	满足内置阈值的domain 的数目
description of target	比对上的基因的描述

11. *_Gene.eggNOG_class.txt

注： #Query	基因在eggNOG 上注释的详细信息
Match	基因名称
NOG	匹配上的蛋白质的名称
hsp_score	NOG 数据库中的名称
Functional Category	比对打分值（High-scoring Segment Pair）
Description	eggNOG 的分类编号
Function class defination	蛋白功能描述
	功能分类的描述

注：结果文件中不存在的表或列表示没有对这一项内容做分析

=====文件夹=====

1. BMK_1_PNG	注释结果图及相应的统计表
2. BMK_2_KEGG_map	基因所在的所有通路图