

1. *.KEGG.ko
 注: #Gene_id
 KO|e_value|Database_Genes|Anno
差异表达基因 KEGG 注释结果文件
基因 ID
四列值 (竖线分隔), 分别是 KEGG Orthology (即 KEGG 直系同源基因) 的 ID、e 值、比对到 KEGG 数据库中的基因 ID、KO 功能描述。
2. *.KEGG.stat
 注: #Kegg_pathway
 ko_id:
 Cluster_frequency
 Genome_frequency
 P-value
 Corrected_P-value
差异表达基因 KEGG 分类统计表
KEGG 通路名称
KEGG Orthology 即 KEGG 直系同源基因 ID
注释到该 KEGG 通路的差异表达基因数目, 注释到所有 KEGG 通路的差异表达基因数目, 以及相应的比例
注释到该 KEGG 通路的 Gene 数目, 注释到所有 KEGG 通路的 Gene 数目, 以及相应的比例
P 值
校正后的 P 值
3. *.tree.stat
 注: #KEGG Category
 Gene Count(K Number Count)
差异表达基因 KEGG 分类统计详表
KEGG 代谢通路的名称;
注释到该 KEGG 通路的 Gene 数目, 以及对应的 KO 数目;
4. *.KEGG.xls
 注: #KEGG_n
 KEGG_N
 #Pathway
 ko_ID
 DEG
 Gene
 DEG_all
 Gene_all
KEGG 通路注释结果统计文件
所有通路中注释到的差异表达基因数目
所有通路中注释到的基因数目
KEGG 通路名称
KEGG Orthology, 即 KEGG 直系同源基因 ID
注释到该通路的所有差异表达 Gene 数目
注释到该通路的基因数目
注释到所有 KEGG 通路的差异表达基因数目
注释到所有 KEGG 通路的基因数目
后面几列为注释到该通路的差异表达基因名称及 K 号
5. *.KEGG_classification.png
 注: 纵坐标为 KEGG 代谢通路的名称, 横坐标为注释到该通路下的基因数目及其数目占被注释上的基因总数的比例。
差异表达基因 KEGG 分类图 (png 格式)
6. *.KEGG_enrichment.list
 注: #Pathway
 KO
 Enrichment_Factor
差异表达基因的 KEGG 富集结果文件
KEGG 通路名称
KEGG Orthology, 即 KEGG 直系同源基因 ID
富集因子, 表示差异基因中注释到某通路的基因比例与所有基因中注释到该通路的基因比例的比值。富集因子越大, 表示差异表达基因在该通路中的富集水平越显著

Q-value	Q-value 为多重假设检验校正之后的 P value，Q 值越小，则富集结果可靠性越高
Gene_Number	富集到某一通路的基因数目

7. *.KEGG_enrichment.png 差异表达基因 KEGG 通路富集散点图

注：图中每一个圆表示一个KEGG通路，纵坐标表示通路名称，横坐标为富集因子（Enrichment Factor），表示差异基因中注释到某通路的基因比例与所有基因中注释到该通路的基因比例的比值。富集因子越大，表示差异表达基因在该通路中的富集水平越显著。圆圈的颜色代表qvalue，qvalue为多重假设检验校正之后的P value,qvalue越小，表示差异表达基因在该通路中的富集显著性越可靠；圆圈的大小表示通路中富集的基因数目，圆圈越大，表示基因越多

=====文件夹=====

1. BMK_1_KEGG_map 差异基因所在的 KEGG 通路图