

result/

```
|-- 00.RawData/ 【原始下机数据和原始拼接后数据】
|   |-- Sample_Name/ 【每个样品对应的原始下机数据和原始拼接后数据】
|   |   |--*_1.fq.gz 【reads1 去除 barcode 和 primer 后得到的序列】
|   |   |--*_2.fq.gz 【reads2 去除 barcode 和 primer 后得到的序列】
|   |   |--*.raw_1.fq.gz 【reads1 原始下机序列，包含 barcode 和 primer】
|   |   |--*.raw_2.fq.gz 【reads2 原始下机序列，包含 barcode 和 primer】
|   |   |--*.extendedFrgs.fastq 【原始下机的 reads 拼接后的序列】
|   |-- SampleSeq_info.xls 【所有样品的 barcode 和 primer 信息】
|   |-- assemble_stat.xls 【所有样品的序列拼接信息统计列表】

|-- 01.CleanData/ 【质控后可用于后续分析的有效数据】
|   |-- Sample_Name/ 【每个样品的质控结果】
|   |   |-- *.fastq 【质控后序列的 FASTQ 格式文件】
|   |   |-- *.fna 【质控后序列的 FASTA 格式文件】
|   |   |-- histograms.txt 【质控后的序列长度分布统计表】
|   |-- QCstat.xls 【数据预处理统计及质控信息表】

|-- 02.OTUanalysis/ 【OTUs 聚类 and 物种注释结果】
|   |-- OTUs.fasta 【OTUs 代表序列】
|   |-- OTUs.tax_assignments.txt 【OTUs 物种注释结果】
|   |-- all_rep_set_tax_assignments.krona.html 【krona 网页展示】
|   |-- OTUs.tre 【OTUs 进化树文件】
|   |--otu_table_even.biom 【均一化处理后 biom 格式的绝对丰度表】
|   |-- taxa_abundance/ 【每个样品中物种丰度信息】
|   |   |-- evenabs/ 【均一化处理后的绝对丰度（均一化处理使每个样品的 OTUs 丰度之和相等）】
```

			-- otu_table.absolute.xls	【OTUs 绝对丰度】
			`-- otu_table.*.absolute.xls	【界门纲目科属种（k,p,c,o,f,g,s）水平上的绝对丰度】
			`-- relative/	【均一化处理后的相对丰度（均一化处理使每个样品的 OTUs 丰度之和相等）】
			-- otu_table.relative.xls	【OTUs 相对丰度】
			`-- otu_table.*.relative.xls	【界门纲目科属种（k,p,c,o,f,g,s）水平上的相对丰度】
			-- taxa_stat/	【OTUs 分析统计结果】
			-- Classified_stat.{png,svg}	【注释到界门纲目科属种（k,p,c,o,f,g,s）水平上的 Tags 数目分布图】
			-- classified_stat.xls	【注释到界门纲目科属种（k,p,c,o,f,g,s）水平上的 Tags 数目统计表】
			-- Sample_Tags-OTUs_dis.{png,svg}	【各样品的 Tags 及 OTUs 数目统计分布图】
			`-- Tags_stat.xls	【各样品的 Tags 及 OTUs 数目统计表】
			-- taxa_charts_html/	【注释结果网页版展示】
			-- area_charts.html	【注释结果面积图展示】
			-- bar_charts.html	【注释结果柱形图展示】
			-- pie_charts.html	【注释结果饼状图展示】
			-- charts/	【网页展示用到的图片】
			-- css/	【网页配置文件】
			`-- js/	【网页配置文件】
			-- top10/	【门纲目科属（p,c,o,f,g）水平上的 top10 物种相对丰度柱形图】
			-- taxa_heatmap/	【物种注释聚类热图】
			-- cluster/	【门纲目科属（p,c,o,f,g）水平上的物种聚类热图】
			`-- OTU_heatmap/	【OTUs 注释和丰度热图】
			-- taxa_tree/	【物种分类树】
			-- *.taxtree.{png,svg}	【单个样品的物种分类树】
			`-- all.taxtree.{png,svg}	【所有样品的物种分类树】
			-- ternaryplot/	【ternaryplot 分析结果】
			-- */*/-- ternary.{png,pdf}	【未标有样品名称的 ternaryplot 图】

	-- ternaryplot_sample/	【按样品出图的 ternaryplot 分析结果】
	-- genus_evolutionary_tree(_group)/	【属水平物种进化树圈图】
	`-- *. {svg,png,pdf}	【属水平物种进化树圈图文件】
	-- 03.AlphaDiversity/	【alpha 多样性分析结果】
	-- alpha_rarefaction_plots/	【alpha 多样性分析结果网页版展示】
	-- alpha_diversity_index.xls	【alpha 多样性指数表格】
	-- observed_species. {pdf,png}	【稀释曲线图(样本)】
	-- group_observed_species. {pdf,png}	【稀释曲线图(分组)】
	-- plot_observed_species.txt	【稀释曲线作图数据】
	-- rank_abundance. {pdf,png}	【等级丰度曲线图(样本)】
	-- group_rank_abundance. {pdf,png}	【等级丰度曲线图(分组)】
	-- venn_figure/	【韦恩图】
	-- Flower_figure/	【花瓣图】
	-- Specaccum/	【物种累积曲线】
	-- specaccum. {png,pdf}	【物种累积曲线图】
	-- Alpha_div/	【组间 Alpha 多样性比较箱型图】
	-- ACE /	
	-- ACE. {png,pdf}	【ACE 指数箱型图】
	-- ACE_Tukey.txt	【ACE 指数多组间方差分析】
	--ACE_wilcox.txt	【ACE 指数多组间非参数 wilcox 检验】
	-- chao1 /	
	-- chao1. {png,pdf}	【chao1 指数箱型图】
	-- chao1_Tukey.txt	【chao1 指数多组间方差分析】
	-- chao1_wilcox.txt	【chao1 指数多组间非参数 wilcox 检验】
	-- goods_coverage /	

	-- goods_coverage. {png,png}	【goods_coverage 指数箱型图】
	-- goods_coverage _Tukey.txt	【goods_coverage 指数多组间方差分析】
	-- goods_coverage _wilcox.txt	【goods_coverage 指数多组间非参数 wilcox 检验】
	-- observed_species /	
	-- observed_species. {png,png}	【observed_specie 指数箱型图】
	-- observed_species _Tukey.txt	【observed_species 指数多组间方差分析】
	-- observed_species _wilcox.txt	【observed_species 指数多组间非参数 wilcox 检验】
	-- shannon /	
	-- shannon. {png,png}	【shannon 指数箱型图】
	-- shannon _Tukey.txt	【shannon 指数多组间方差分析】
	-- shannon _wilcox.txt	【shannon 指数多组间非参数 wilcox 检验】
	-- simpson /	
	-- simpson. {png,png}	【simpson 指数箱型图】
	-- simpson _Tukey.txt	【simpson 指数多组间方差分析】
	-- simpson _wilcox.txt	【simpson 指数多组间非参数 wilcox 检验】
	-- Alpha_div2/	【组的 Alpha 多样性比较箱型图】
	-- ACE /	
	-- ACE. {png,pdf}	【ACE 指数箱型图】
	-- ACE_Tukey.txt	【ACE 指数多组的方差分析】
	--ACE_wilcox.txt	【ACE 指数多组的非参数 wilcox 检验】
	-- chao1 /	
	-- chao1. {png,pdf}	【chao1 指数箱型图】
	-- chao1_Tukey.txt	【chao1 指数多组的方差分析】
	-- chao1_wilcox.txt	【chao1 指数多组的非参数 wilcox 检验】
	-- goods_coverage /	
	-- goods_coverage. {png,png}	【goods_coverage 指数箱型图】

```
|      |-- goods_coverage_Tukey.txt
|      |-- goods_coverage_wilcox.txt
|  |-- observed_species /
|      |-- observed_species.{png,png}
|      |-- observed_species_Tukey.txt
|      |-- observed_species_wilcox.txt
|  |-- shannon /
|      |-- shannon.{png,png}
|      |-- shannon_Tukey.txt
|      |-- shannon_wilcox.txt
|  |-- simpson /
|      |-- simpson.{png,png}
|      |-- simpson_Tukey.txt
|      |-- simpson_wilcox.txt
```

【goods_coverage 指数多组的方差分析】
 【goods_coverage 指数多组的非参数 wilcox 检验】
 【observed_specie 指数箱型图】
 【observed_species 指数多组的方差分析】
 【observed_species 指数多组的非参数 wilcox 检验】
 【shannon 指数箱型图】
 【shannon 指数多组的方差分析】
 【shannon 指数多组的非参数 wilcox 检验】
 【simpson 指数箱型图】
 【simpson 指数多组的方差分析】
 【simpson 指数多组的非参数 wilcox 检验】

```
|-- 04.BetaDiversity/ 【Beta 多样性分析结果】
|   |-- Beta_div/
|       |-- weighted_unifrac.{png,pdf}
|       |-- weighted_unifrac_TukeyHSD.txt
|       |-- weighted_unifrac_wilcox.txt
|       |-- unweighted_unifrac.{png,pdf}
|       |-- unweighted_unifrac_TukeyHSD.txt
|       |-- unweighted_unifrac_wilcox.txt
|   |-- beta_div_heatmap/
|       |-- beta_diversity.heatmap.{png,svg}
```

【组间 Beta 多样性比较箱型图】
 【基于加权的 unifrac 距离的 Beta 多样性箱型图】
 【基于加权的 unifrac 距离的多组间方差分析】
 【基于加权的 unifrac 距离的多组间非参数 wilcox 检验】
 【基于非加权 unifrac 距离的 Beta 多样性箱型图】
 【基于非加权的 unifrac 距离的多组间方差分析】
 【基于非加权的 unifrac 距离的多组间非参数 wilcox 检验】
 【unifrac 距离热图】
 【包含两种距离的热图】

-- beta_diversity.heatmap.UnW.{png,svg}	【非加权 unifrac 距离热图】
-- beta_diversity.heatmap.W.{png,svg}	【加权 unifrac 距离热图】
-- unweighted_unifrac_sorted_otu_table.txt	【非加权 unifrac 距离值】
-- weighted_unifrac_sorted_otu_table.txt	【加权 unifrac 距离值】
-- PCA	【PCA 分析结果】
-- PCA12_2.{png,pdf}	【标有样品名称的 PCA 图】
-- PCA12.{png,pdf}	【未标样品名称的 PCA 图】
-- pca.csv	【各个主成分分析结果】
-- PCA_stat_correlation1.txt	【第一主成分分析结果】
-- PCA_stat_correlation2.txt	【第二主成分分析结果】
-- PCoA	【PCoA 分析】
-- binary_jaccard_dm.txt	【binary_jaccard 距离矩阵】
-- binary_jaccard_pc.txt	【PCoA 分析主成分信息】
-- bray_curtis_dm.txt	【bray_curtis 距离矩阵】
-- bray_curtis_pc.txt	【PCoA 分析主成分信息】
-- unweighted_unifrac	【基于非加权 unifrac 距离的 PCoA 分析结果】
-- emperor_pcoa_plots	【三维 PCoA 网页版展示】
-- emperor_required_resources	
-- index.html	【三维 PCoA 的网页】
-- PCoA12-2.pdf	【标有样品名称 PCoA 图】
-- PCoA12-2.png	【标有样品名称 PCoA 图】
-- PCoA12.pdf	【未标样品名称的 PCoA 图】
-- PCoA12.png	【未标样品名称的 PCoA 图】
-- PCoA.txt	【各个主成分的分析结果】
-- unweighted_unifrac_dm.txt	【用于 PCoA 分析的 unweighted unifrac 距离矩阵】
-- unweighted_unifrac_pc.txt	【PCoA 分析主成分信息】

```

| |-- weighted_unifrac
| | |-- emperor_pcoa_plots
| | | |-- emperor_required_resources
| | | `-- index.html
| | |-- PCoA12-2.pdf
| | |-- PCoA12-2.png
| | |-- PCoA12.pdf
| | |-- PCoA12.png
| | `-- PCoA.txt
| |-- weighted_unifrac_dm.txt
| `-- weighted_unifrac_pc.txt
|   |-- Tree/
|   | |-- unweighted_unifrac/
|   | | |-- unweighted_unifrac.{png,pdf}
|   | | |-- sorted_otu_table_upgma.tre
|   | | `-- UPGMA.UnW.tree.{png,svg}
|   |-- weighted_unifrac/
|   | |-- sorted_otu_table_upgma.tre
|   | |-- weighted_unifrac.{pdf,png}
|   | `-- UPGMA.W.tree.{png,svg}
| |-- NMDS/
| | |-- NMDS.{png,pdf}
| | |-- NMDS2.{png,pdf}
| | |-- NMDS_scores.txt
| |-- LEfSe/
| | |-- */LDA.*.{png,pdf}

```

【基于加权 unifrac 距离的 PCoA 分析结果】

【三维 PCoA 网页版展示】

【三维 PCoA 的网页】

【标有样品名称 PCoA 图】

【标有样品名称 PCoA 图】

【未标样品名称的 PCoA 图】

【未标样品名称的 PCoA 图】

【各个主成分的分析结果】

【用于 PCoA 分析的 weighted unifrac 距离矩阵】

【PCoA 分析主成分信息】

【聚类树】

【基于非加权 unifrac 距离的聚类结果】

【基于非加权 unifrac 距离的 UPGMA 聚类树图】

【基于非加权 unifrac 距离的 UPGMA 聚类树文件，MEGA 软件可以打开】

【加入门水平物种组成的 UPGMA 聚类树图】

【基于加权 unifrac 距离的聚类结果】

【基于加权 unifrac 距离的 UPGMA 聚类树文件，MEGA 软件可以打开】

【基于加权 unifrac 距离的 UPGMA 聚类树图】

【加入门水平物种组成的 UPGMA 聚类树图】

【NMDS 分析结果】

【标有样品名称的 NMDS 图】

【未标样品名称的 NMDS 图】

【各样品在前两个主成分轴上的位置坐标】

【LEfSe 分析结果】

【LDA 值分布柱状图】

```

| | |-- */LDA.*.tree.{png,pdf}
| | |-- */LDA.*.res
| | |-- */biomarkers_raw_images/
| |-- MetaStat/
| | |-- */*.test.xls
| | |-- */*.psig.xls
| | |-- */*.qsig.xls
| | |-- */cluster.*.diff.{pdf,png,txt}
| | |-- */boxplot/
| | |-- */PCA/
| |-- Anosim/
| | |-- stat_anosim.txt
| | |-- *.{pdf,png}
| |-- MRPP/
| | |-- stat_mrpp.txt
| |-- Adonis/
| | |-- bray_adonis.txt
| |-- Amova/
| | |-- (un)weighted_unifrac/*_amova.txt
| |-- t.test_bar_plot/
| | |-- */*-VS-*. {png,svg}
| | |-- */*-VS-*.xls
| | |-- */*-VS-*.psig.xls
| |-- Environmen_factor/
| | |-- mantel_test/
| | |-- spearman/

```

```

【LEfSe 进化分支图】
【LEfSe 统计结果】
【各 biomarker 在各组样品中的相对丰度比较图】
【MetaStat 分析结果】
【门纲目科属（p,c,o,f,g）水平上 MetaStat 分析结果】
【从 MetaStat 分析结果中，筛选出的 p value<=0.05 的信息】
【从 MetaStat 分析结果中，筛选出的 q value<=0.05 的信息】
【具有显著性差异物种的 heatmap 热图分析结果和输入文档】
【具有显著性差异物种的箱图结果】
【具有显著性差异物种的 PCA 分析结果】
【Anosim 分析结果】
【Anosim 分析结果】
【MRPP 分析结果】
【MRPP 分析结果】
【Adonis 分析结果】
【Adonis 分析结果】
【Amova 分析结果】
【Amova 分析结果】
【组间差异显著的物种分析】
【门纲目科属（p,c,o,f,g）水平上的组间差异显著的物种分析条形图】
【门纲目科属（p,c,o,f,g）水平上组间差异显著的物种分析结果】
【从组间差异显著的物种分析结果中，筛选出的 p value<=0.05 的信息】
【环境因子分析】
【mantel_test 分析结果】
【spearman 分析结果】

```


		-- VPA/	【VPA 分析结果】
		-- multiCCA/	【CCA 分析结果】
		--Network/	【Network 分析结果】
		-- genus.png	【属水平的网络图，png 格式】
		-- genus.svg	【属水平的网络图，svg 格式】
		-- igraph.calculate.txt	【网络图属性文件，包含网络图直径，平均连接度，聚类系数等信息】
`--	05.WebShow/	【网页版展示内容综合，可交互式操作，同时含使用说明】	