

=====文件=====

1. All_Database_annotation.xls 功能注释整合文件(excel 格式)

注：GeneID:基因名称

COG_class:COG 库注释的功能分类

COG_class_annotation:COG 库功能分类描述

GO_annotation:GO 注释

KEGG_annotation:KEGG 库注释

eggNOG_class:eggNOG 分类编码

eggNOG_class_annotation:eggNOG 分类注释

KOG_class:KOG 库注释的功能分类

KOG_class_annotation:KOG 库功能分类描述

Swissprot_annotation:Swissprot 库注释

NR_annotation:NR 库注释# Pfam_annotation:Pfam 库注释

注:结果文件中没有的表或列表示没有对该数据库做注释

2.Function_Annotation.stat.xls New Gene 在各个数据库注释结果统计文件

注：第一列 Anno_Database：注释的数据库

第二列 Annotated_Number：此数据库注释的 New Gene 个数

第三列 300<=length<1000:此数据库注释的长度在 300 到 1000bp 的 New Gene 个数

第四列 length>=1000:此数据库注释的长度大于等于 1000bp 的 New Gene 个数

注:第二列数字不等于第三列和第四列之和,因为没有考虑小于 300bp 的 New Gene 个

数

=====文件夹=====

BMK_1_Annotation #各个数据库详细注释结果目录

BMK_2_Statistic #各个数据库统计图目录

BMK_2_KEGG_map #注释到的 KEGG 通路图目录，里面包含注释到所有的 KEGG 通路