

=====文件=====

1. \*.newGene.gff           新基因 gff 文件

注：

第一列：#Seq\_ID：染色体号；

第二列：Source：注释信息的来源，Cufflinks 软件；

第三列：Type：注释特征（Feature）类型；

第四、五列：Start/End：特征序列的起止位置；

第六列：Score：得分，数字，注释信息可能性的说明，“.”表示缺失值；

第七列：Strand：特征序列所在的正负链；

第八列：Phase：仅对注释类型为 CDS 有效，表示起始编码的位置，有效值为 0、1、2，“.”表示缺失值；

第九列：Attributes：以多个键值对组成的注释信息描述。

2 . \*.newGene.longest\_transcript.fa       新基因的最长转录本 fasta 文件

注：FASTA 格式每一个序列单元以“>”开头，直到出现下一个“>”之前为止。“>”开头的行为序列 ID 行，后面紧接着基因 ID；下面一行或多行为该基因的碱基序列。

=====文件夹=====

BMK\_1\_NewGene\_Anno           NewGene 功能注释分析结果目录