

=====文件=====

1. *.COG(KOG)_class.txt COG/KOG 数据库注释结果文件
 注：第一列：Gene name:基因名称
 第二列：Protein name in COG:COG 中注释的相应蛋白质的名字
 第三列：E_value:E 值
 第四列：Identify:比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
 第五列：Score:打分值
 第六列：Organism:物种名
 第七列：COG(KOG) id:COG (KOG)编号
 第八列：COG(KOG) class definition:COG(KOG) 分类名称
 第九列：Function code:COG(KOG) 功能分类编号
 第十列：Functional categories:COG(KOG) 功能类别名称
 第十一列：Function class definition:COG(KOG) 功能类别定义
2. *.GO.anno.txt 各基因注释到 GO 数据库的信息统计
 注：第一列：Gene:基因名称
 第二列：Number:某基因注释到的 GO 类别数目
 第三列：GO_Anno:注释到的 GO 类别
3. *.GO.list 每个基因注释到 GO 数据库上的编号
 注：第一列：基因 ID
 第二列：相应基因注释到的 GO 编号
4. *.GO_tree.stat 对于各个 GO 功能分类,注释到的基因统计
 注：第一列：GO_Function:GO 功能分类
 第二列：Unigene_number:注释到的基因数目
 第三列：Unigene_ID:注释到的基因名称
5. *.eggNOG_class.txt eggNOG 功能注释文件
 注：第一列：Query:基因名称
 第二列：Match:基因比对上的 eggNOG 数据库中的蛋白序列
 第三列：eggNOG:eggNOG 数据库的 ID 编号
 第四列：score:基因和序列比对的打分
 第五列：Functional Category:eggNOG 数据库对应的功能分类编号
 第六列：Description:比对上的序列功能描述
 第七列：Function class definition:eggNOG 数据库分类类别的功能描述
6. *.Pfam.anno.txt 所有的基因在 Pfam 数据库中的注释结果
 注：第一列：Gene_ID：基因名称
 第二列：Pfam_IDs：比对上的 Pfam 数据库的编号
 第三列：Pfam_Description：比对上的 Pfam 数据库的描述
7. *.SwissProt(NR).anno.txt 基因在 swissprot 上的注释结果
 注：第一列：SwissProtGeneID(NrGeneID)：基因名称
 第二列：Database_ID 注释到数据库的基因编号
 第三列：E_value E 值
 第四列：Identify 比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
 第五列：Score 打分值

第六列：Annotation 功能注释

8. *KEGG.pathway KEGG 上注释到的基因信息

注：第一列：pathway:pathway 名称

第二列：pathway_id:pathway 编号(一个 ko 编号表示一个通路)

第三列：Gene_number:注释到某 pathway 上的基因数目

第四列：Gene_id:注释到某 pathway 上的基因名称

第五列：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 K 标签)

9. *Kegg.ko 每个基因的 kegg 注释信息

注：第一列：Gene_id:基因编号

第二列：KO|e_value|Database_Genes|Anno:四列值,分别表示基因的注释到的 K 编号,blastx 比对上基因 E 值,比对上的基因 ID 以及它的功能注释