#Unigene 功能注释分析结果目录 |-- BMK_4_Unigene_Anno #各个数据库统计图目录 |-- BMK 2 statistic #COG 注释分类统计图 | |-- *.Unigene.fa.COG.cluster.png #COG 注释分类统计表 | |-- *.Unigene.fa.COG.cluster.stat | |-- *.Unigene.fa.eggNOG.cluster.png #eggNOG 注释分类统计图 #eggNOG 注释分类统计表 |-- *.Unigene.fa.eggNOG.cluster.stat #NR 数据库中注释到的物种分布统计饼图 |-- *.Unigene.fa.NR.lib.png #NR 数据库中注释到的物种分布统计表 | |-- *.Unigene.fa.NR.lib.stat | |-- *.Unigene.fa.GO.png #GO 二级节点注释统计图 (png 格式) | |-- *.Unigene.fa.GO.pdf #GO 二级节点注释统计图 (pdf 格式) | |-- *.Unigene.fa.GO.stat #GO 二级节点注释统计表 #KOG 注释分类统计图 | |-- *.Unigene.fa.KOG.cluster.png `-- *.Unigene.fa.KOG.cluster.stat #KOG 注释分类统计表

- # 图片: *.Unigene.fa.COG(eggNOG,KOG).cluster.png
- # 描述: 所有基因的 COG(eggNOG,KOG)分类统计结果图
- # 意义: 在不同的功能类中, 基因所占多少反映对应样品在各个功能类的分布
- #X: COG 各分类内容
- #Y: 基因数目

- # 图片: *.Unigene.fa.COG(eggNOG,KOG).cluster.stat
- # 描述: 所有基因的 COG 分类统计结果表
- #ID: COG 注释结果编号
- # Class Name: COG 注释分类名称
- # Numbers: 某个分类上注释到的基因数目

- # 图片: *.Unigene.fa.GO.png (pdf)
- # 描述: 所有基因 GO 分类统计结果图
- # 意义: 此图展示的是在全部基因背景下 GO 各二级功能的基因比例和个数。
- #X: GO 分类
- #Y: 左边为基因数目所占百分比, 右边为基因数目

- # 图片: *.Unigene.fa.GO.stat
- # 描述: 所有基因 GO 分类统计结果表
- # GO_classify1: GO 一级分类名称
- #GO classify2: GO 二级分类名称
- #*.Unigene:某一分类的基因数目
- #Total: 注释到 GO 数据库的全部基因数目

- # 图片: *.Unigene.fa.NR.lib.png
- # 描述: NR 注释中比对上不同物种分布统计
- # 意义: 展示了注释到某物种上的基因数目以及占总检测到的基因的比例

- # 图片: *.Unigene.fa.NR.lib.stat
- # 描述: NR 注释中比对上不同物种分布统计表
- #Species_Name 注释到的物种名称
- # Homologous_Number 注释到某物种上的基因数目
- # Ratio 注释到某物种的基因占总检测到的基因的比例