

```
|—— BMK_3_GO_Enrichment    #差异表达基因的 GO 功能富集文件
| |—— Group*.GO.png    #差异表达基因在 GO 第二层结构上分类信息
| |—— GO.map    #差异表达基因对应的 GO 列表
| |—— Group*.BP    #差异表达基因在 Biological Process 分类中富集分析结果目录
| | |—— *.topGO_BP.pdf #差异表达基因富集分析结果树状图（pdf 和 png 版）
| | |—— *.topGO_BP.xls #差异表达基因富集分析结果文件
| | |—— *.topGO_BP_gene.xls #每个 GO 节点对应的差异表达基因
| |—— Group*.CC    #差异表达基因在 Cellular Component 分类中富集分析结果目录
| |—— Group*.MF    #差异表达基因在 Molecular Function 分类中富集分析结果目录
```

#####

1.*.GO.png

横坐标分别标记了 GO 结果的三个模块：生物学过程、细胞组分、分子功能。

纵坐标中，左侧纵坐标代表基因数目所占百分比；右侧纵坐标代表基因的个数，其中上面为差异基因的个数，下面为所有基因个数。

深色 bar 代表富集到的 GO 功能的差异基因的个数及比例，浅色 bar 代表富集到每个 GO 功能的基因个数及比例。

此图展示的是在差异表达基因背景和全部基因背景下 GO 各二级功能的基因富集情况，体现两个背景下各二级功能的地位，具有明显比例差异的二级功能说明差异表达基因与全部基因的富集趋势不同，可以重点分析此功能是否与差异相关。从上图可以看出差异表达基因和所有基因在 GO 各二级功能中的注释情况，其中红色柱体与蓝色柱体具有明显差异的节点可能与差异有关。

#####

2.GO.map

列出了每个差异基因富集到的 GO term 的 id。

#####

3.Group*.BP(CC 或 MF)

差异表达基因在 GO 数据库 BP（CC 或 MF）类别上的富集分析结果目录，其中目录下的文件有：

（1）*.topGO_BP.pdf

差异表达基因富集分析结果树状图，每个图的颜色由浅到深代表富集结果越显著，最显著的 10 个 GO 节点以方框的形式显示，每个图形中 4 行的数字分别代表的是：GO 编号，GO 功能分类描述，富集分析结果 P 值和于此 GO 相关的在差异表达基因和所有基因的个数。

（2）*.topGO_BP（CC 或 MF）_gene.xls

在 BP（CC 或 MF）分类中，每个 GO 节点对应的差异表达基因 ID。

第一列为 GO id，第二列为富集到该功能上的差异表达基因 id。

（3）*.topGO_BP（CC 或 MF）.xls

在 BP（CC 或 MF）分类中，差异表达基因富集分析结果文件。

第一列：GO.ID 是 GO 节点编号

第二列：Term 是 GO 功能分类的描述

第三列：所有基因种注释到此 GO 节点的基因个数

第四列：差异表达基因中注释到此 GO 节点的基因个数

第五列：差异表达基因中期望注释到此 GO 节点的基因个数

第六列：KS 检验方法得到的此 GO 节点富集分析结果的 P 值

#####