

+-----+
| 转录组项目信息分析结果说明文档 |
+-----+

目录结构及文件说明:

```
|-- BMK_4_Unigene_Anno          #Unigene 功能注释分析结果目录
|   |-- BMK_1_annotation        #各个数据库详细注释结果目录
|   |-- *.Unigene.fa.COG_class.txt      #COG 数据库注释结果文件
|   |-- *.Unigene.fa.eggNOG_class.txt   #eggNOG 数据库注释结果文件
|   |-- *.Unigene.fa.GO.anno.txt       #GO 数据库注释结果文件
|   |-- *.Unigene.fa.KOG_class.txt     #KOG 数据库注释结果文件
|   |-- *.Unigene.fa.Pfam.anno.txt     #Pfam 数据库注释结果文件
|   |-- *.Unigene.fa.Swissprot.anno.txt #Swiss-Prot 数据库注释结果文件
|   |-- *.Unigene.fa.NR.anno.txt       #NR 数据库注释结果文件
```

#####

```
# 文件: *.Unigene.fa.COG (KOG) _class.txt
# 描述: 功能注释、富集和统计整合文件,COG,KOG 文件类似
# 字段解释:
# Gene name: 基因名称
# Portein name in COG: COG 中注释的相应蛋白质的名字
# E_value: E 值
# Identify: 比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
# Score: 打分值
# Organism: 物种名
# COG id: COG 编号
# COG class defination: COG 分类名称
# Function code: COG 功能分类编号
# Functional categories: COG 功能类别名称
# Function class defination: COG 功能类别定义
```

#####

```
# 文件: *.Unigene.fa.eggNOG_class.txt
# 描述 功能注释文件
# 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 defination: eggNOG 数据库分类类别的功能描述
#####
```

```
#####
# 文件: *.Unigene.fa.GO.anno.txt
# 描述: 各基因注释到 GO 数据库的信息统计
# 字段解释:
# Gene:基因名称
# Number:某基因注释到的 GO 类别数目
# GO_Anno:注释到的 GO 类别

#####
# 文件: *.Unigene.fa.Pfam.anno.txt
# 描述: 所有的基因在 Pfam 数据库中的注释结果
# 字段解释:
# Gene_ID    基因名称
# Pfam_IDs   比对上的 Pfam 数据库的编号
# Pfam_Description  比对上的 Pfam 数据库的描述
#####
# 文件: *.Unigene.fa.Swissprot (NR) .anno.txt
# 描述: 基因在 swissprot 上的注释结果
# 字段解释:
# SwissprotGeneID (NrGeneID)    基因名称
# Database_ID注释到数据库的基因编号
# E_value    E 值
# IdeNTity   比对上的碱基数占总比对碱基长度的百分比
# Score     打分值
# Annotation 功能注释
#####
```