

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_2_Unigene_Assembly/

```
-- Final_Unigene                #最终得到的 Unigene 信息目录
|   |--*.Unigene.distribution.png  #Unigene 序列长度分布图(png 格式)
|   |-- *.Unigene.fa              #Unigene 序列文件(FASTA 格式)
|   |-- *.Unigene.stat.xls        #Unigene 结果统计表
-- Final_Transcript              #z 最终得到的转录本信息目录
|   |--*.Transcript.distribution.png  #Transcript 序列长度分布图(png 格式)
|   |-- *.Transcript.fa           #Transcript 序列文件(FASTA 格式)
|   |-- *.Transcript.stat.xls     #Transcript 结果统计表
-- Map_stat                      #各个样品的比对效率结果目录
|   |-- *.Mapped.stat.xls        #样品*的比对结果信息统计文件
-- readme.pdf                   #目录结果说明
```

#####

```
# 文件:*.Unigenes(Transcript).stat.xls
# 描述:Unigene(Transcript) 序列长度分布统计表
# 字段解释:
# 列名:Length:Unigene(Transcript) 长度范围
# 列名:Total Number:该长度范围内的 Unigene(Transcript) 总数
# 列名:Percentage:该长度范围内的 Unigene(Transcript)总数占总 Unigene(Transcript) 的比例
# 行名:Total Number:Unigene(Transcript) 总数
# 行名:Total Length:Unigene(Transcript) 总长度
# 行名:N50 Length:Unigene(Transcript) N50
# 行名:Mean Length:Unigene(Transcript) 平均长度
```

#####

```
# 图片:*.Unigene(Transcript).distribution.png
# 描述:Unigene(Transcript) 序列长度分布图
# 字段解释:
# X:Unigene(Transcript) 长度范围
# Y:该长度范围内的 Unigene(Transcript) 总数
```

#####

```
# 文件:*.Mapped.stat.xls
# 描述: 样品*的和组装序列比对结果统计文件
# 字段解释:
# Total Reads:样品*的总 Read 数以及它占总 Read 数比例
#Mapped Reads: 比对上的 Read 数以及它占总 Read 数比例
#Uniq mapped Reads: 唯一比对上的 Read 数以及它占比对上 Read 数的比例
#Multi mapped Reads: 多比对上的 Read 数以及它占比对上 Read 数的比例
```

#####