

```

|—— BMK_4_Pathway_Enrichment      #差异表达基因的通路富集目录
| |—— KEGG_enrichment             #差异表达基因的 KEGG 通路富集结果目录
| |  |—— *.Kegg.ko                #差异表达基因的 KEGG 数据库注释文件
| |  |—— *.KEGG.xls               #KEGG 通路中包含的基因信息
| |  |—— *.KEGG.list              #差异表达基因的通路富集结果文件
| |  |—— *.KEGG.png               #差异表达基因 KEGG 分类图
| |  |—— *.KEGG.enrichment_factor.png #通路的富集因子图
| |—— KEGG_map                    #差异表达基因的 KEGG 通路映射结果目录
| |  |—— ko*.html                 #差异表达基因在*通路上的映射网页版本结果
| |  |—— ko*.png                  #差异表达基因在*通路上的映射图

```

#####

#### 1.\*Kegg.ko

差异表达基因在 KEGG 数据库注释文件，其中：

第一列：#Gene\_id 是基因的序列 ID

第二列：KO|e\_value|Database\_Genes|Anno 注释结果信息，KO 代表的是 KEGG Orthology，KEGG 数据库中同源序列分类编号，e\_value 是基因序列和 KEGG 中的基因比对 E 值，Database\_Genes 是基因在 KEGG 数据库中比对上的具体基因 ID，Anno 是比对上的具体基因的功能描述。

#####

#### 2.\*.KEGG.xls

KEGG 通路中包含的基因信息，其中：

第一行：#KEGG\_n 是和通路相关的差异表达基因总数，KEGG\_N 是和通路相关的所有基因总数；

第一列 Pathway: 通路名称；

第二列 ko\_ID: 通路编号；

第三列 DEG\_in\_Pathway: 和此通路相关的差异表达基因个数；

第四列 AllGene\_in\_Pathway: 和此通路相关的所有基因个数；

第五列 P-value: 利用超几何分布计算的通路富集 P 值

第六列 Corrected\_P-value: 利用 Bonferroni 校正后的 P 值

第七列 和此通路相关的差异表达基因 ID;

第八列 和此通路相关的基因 ID 对应的 KEGG Orthology;

#####

#### 3.\*.KEGG.list

差异表达基因的通路富集结果文件，其中：

第一列 #pathway: 通路名称

第二列 ko: 通路编号

第三列 enrichment\_factor:此通路的富集因子

第四列 correct\_p:此通路富集分析结果校正后的 p 值

#####

#### 4.\*.KEGG.png

为差异表达基因 KEGG 分类图，其中：

横坐标为注释到此通路上的差异表达基因个数占所有通路相关的总差异表达基因个数的比值，柱子上的数字是和此通路相关的差异表达基因个数，柱子颜色相同代表是相同的类

别；纵坐标为 KEGG 代谢通路的名称，左侧部分是具体通路名称，右侧部分是每个通路对应的分类类别。

#####

5.\*.KEGG.enrichment\_factor.png

通路的富集因子图，其中：  
横坐标是富集因子数，数字越大，代表通路富集可能性越大；纵坐标是通路富集分析校正后的 p 值的负对数值，p 值越小，它的负对数值越大，通路富集可能性越高；所以图中越靠近右上角，通路富集可能性越高。