+------------------------------------------------------------------------------+

| 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

###############################################################