
诺禾致源
宏基因组交付目录说明手册
(V5.0)



2018 年 2 月 25 日

目录

(注：单击即可跳转至相应文档的详细说明)

-- 05.FunctionAnnotation——【抗性基因注释分析结果】	3
-- CARD——【CARD 数据库分析结果】	3
-- README.PDF【CARD 数据库分析结果 README 文档】	3
-- STAT_RESULT【对 UNIGENES 中 ARO 预测结果的分析目录】	3
-- BAR【柱状图结果】	3
-- BOX【箱形图结果】	4
-- VENN_FLOWER【样品（组）抗性基因韦恩（花瓣）图】	5
-- HEATMAP【TOP30 ARO 各样品中丰度热图结果目录】	5
-- STAT.ARO.ABSOLUTE.XLS【各样品中 ARO 的绝对丰度信息表，ARO 按最大值排序】	6
-- STAT.ARO.ID.XLS【各样品中 ARO 的绝对丰度信息表，含有抗性基因 ID，未排序】	6
-- STAT.ARO.RELATIVE.XLS【各样品中 ARO 的相对丰度信息表，ARO 按最大值排序】	6
-- TWOCIRCLE	6
-- MD_TAXONOMY.{PNG,SVG}【某分组中抗性基因与物种归属关系双圈图】	7
-- UNIGENES.PROTEIN.RGI.DEL.TXT【RGI 软件预测的结果文件】	7

`-- 05.FunctionAnnotation --ReadMe.pdf	——【05. FunctionAnnotation 交付结果目录说明】 8
--	-------------------------------------	---------

|-- 05.FunctionAnnotation——【抗性基因注释分析结果】

|-- CARD——【CARD 数据库分析结果】

| |-- Readme.pdf【CARD 数据库分析结果 readme 文档】

| |-- stat_result【对 Unigenes 中 ARO 预测结果的分析目录】

| | |-- bar【柱状图结果】

| | | |-- stat.ARO.ppm.{png,svg}【top20 的 ARO 在各样品的相对丰度柱状图】

| | | |-- stat.ARO.RelativePercent.{png,svg}【top20 的 ARO 在各样品的相对百分含量柱状图】

| | | |-- stat.ARO.relative.per.xls【top20 的 ARO 在各样品的相对百分含量表格】

| | | `-- stat.ARO.relative.ppm.xls【top20 的 ARO 在各样品的相对丰度表格】

| | |-- box **【箱形图结果】**

| | | |-- arobox **【ARO 数目箱型图】**

| | | | |-- aro.xls **【各样品 ARO 数目表格】**

| | | | `-- group.ARObox.{png,pdf} **【组间 ARO 数目箱型图】**

| | | `-- genebox **【基因数目箱型图】**

| | | |-- gene.xls **【各样品基因数目表格】**

| | | `-- group.genebox.{png,pdf} **【组间各样品抗性基因数目箱型图】**

| | |-- circos **【各样品中 ARO 丰度圈图结果目录】**

| | | |-- circos.overview.{png,svg} **【各样品中 top10 ARO 丰度圈图】**

| | | `-- stat.ARO.relative.circos.xls **【top10 的 ARO 在各样品中相对丰度表， 单位为 ppm】**

圈图分为两个部分，右侧为样品信息，左侧为 ARO。内圈不同颜色表示不同的样品和 ARO，刻度为相对丰度，单位为 ppm，左侧为样品中 ARO 的相对丰度之和，右侧为各 ARO 在样本中的相对丰度之和；外圈左侧为各个 ARO 中各样本所占的相对百分含量，外圈右侧为各样本中各个 ARO 的相对百分含量。

| | |-- getARO.xls **【各样品中抗性基因的丰度及 ARO 归属信息表】**

| | |-- Venn_flower **【样品（组）抗性基因韦恩（花瓣）图】**

| | | |-- venn_flower **【组间抗性基因数目差异箱图，pdf和png格式】、**

当样本（组）数小于 5 时，展示韦恩图，当样本（组）数超过 5 个时，展示花瓣图；图中，每个圈代表一个样品；圈和圈重叠部分的数字代表样品之间共有的抗性基因个数；没有重叠部分的数字代表样品的特有抗性基因个数。

| | |-- heatmap **【top30 ARO 各样品中丰度热图结果目录】**

| | | |-- aro_bw

| | | | |-- bw.{pdf,png} **【各样品中 top30 ARO 黑白热图】**

| | | | |-- stat.ARO.relative.bw.xls **【各样品中 top30 ARO 丰度表】**

横轴为样品名称，右侧纵轴为 ARO 名称，上方颜色为样本所在分组的信息；黑白热图中黑色表示样品中含有 ARO，白色表示样品中没有该 ARO。（如果该 top30 ARO 在所有样本中均含有则不展示该图片）

| | | |-- aro_heat

```
| | |      |-- heat.{pdf,png} 【各样品中 top30 ARO 丰度聚类热图】
```

```
| | |      `-- stat.ARO.relative.heat.xls 【各样品中 top30 ARO 丰度表】
```

横轴为样品名称，右侧纵轴为 ARO 名称，上方颜色为样本所在分组的信息，中间热图对应的值为每一行 ARO 相对丰度经过标准化处理后得到的 Z 值。

```
| | |      |-- stat.ARO.absolute.xls 【各样品中 ARO 的绝对丰度信息表，ARO 按最大值排序】
```

```
| | |      |-- stat.ARO.id.xls 【各样品中 ARO 的绝对丰度信息表，含有抗性基因 ID，未排序】
```

```
| | |      |-- stat.ARO.relative.xls 【各样品中 ARO 的相对丰度信息表，ARO 按最大值排序】
```

```
| | |      `-- twocircle
```

```
| | |      |-- card.gene.absolute.total.tax.xls 【各样本中抗性基因的丰度及物种归属信息表】
```

| | `-- MD_taxonomy.{png,svg} 【某分组中抗性基因与物种归属关系双圈图】

| `-- Unigenes.protein.rgi.del.txt 【RGI 软件预测的结果文件】

列标题	说明
ORF_ID	基因 ID
CUT_OFF	比对模式（默认严格筛选，strict）。
PASS_EVALUE	该 AROblast 比对时筛选 e-value 阈值。
Best_Hit_evalue	比对实际得到的 e-value 值
Best_Hit_ARO	比对得到的最佳 ARO
Best_Identities	序列与 ARO 序列相似度得分
ARO	该基因 ID 可以比对出的全部 ARO 编号
ARO_name	该基因 ID 可以比对出的全部 ARO 名称
Model_type	RGI 软件分析 ARO 时采用的计算模型

SNP	SNP 模型
ARO_category	ARO 种类描述信息
bit_score	ARO 的打分值
Predicted_Protein	某基因中预测出的蛋白序列
CARD_Protein_Sequence	CARD 数据库中 ARO 的蛋白序列。
LABEL	基因 ID
ID	ARO 的 ID 信息

`-- 05.FunctionAnnotation --ReadMe.pdf

——【05. FunctionAnnotation 交付结果目录说明】