

---01.CleanData	【测序数据预处理结果】
---novototal.QCstat.info.xls	【QC 结果基本信息表】
---total.QCstat.info.xls	【QC 结果详细信息表】
---total.*.NonHostQCstat.info.xls	【去除宿主后的结果的详细信息表】
---Sample	【各样品对应的质控结果，文件夹以样品名称来命名】
---*.fq1.gz	【质控后 read1 的 FASTQ 文件】
---*.fq2.gz	【质控后 read2 的 FASTQ 文件】
---*.nohost.fq1.gz	【当存在宿主基因组序列时，去除宿主后 read1 的 FASTQ 文件】
---*.nohost.fq2.gz	【当存在宿主基因组序列时，去除宿主后 read2 的 FASTQ 文件】
---*.qual.png	【CleanData 的碱基质量分布图】
---*.base.png	【CleanData 的碱基类型分布图】
---02.Assembly	【宏基因组组装结果】
---total.scaffigs.stat.info.xls	【按照长度 500 进行过滤后，所有样品 Scaffigs 信息表】
---total.scafSeq.stat.info.xls	【按照长度 500 进行过滤后，所有样品 Scaffold 信息表】
---ReadsMapping	【Reads Mapping 结果】
---Sample	【各样品 Reads Mapping 结果，文件夹以样品名称来命名】
---coverage_depth.png	【覆盖深度分布图，png 格式】
---coverage_depth.svg	【覆盖深度分布图，svg 格式】
---coverage.depth.table.xls	【各 Scaffigs 覆盖度总体情况统计,包含覆盖度，覆盖长度等信息】
---*.unmapping.fq1.gz	【各样品没有 map 上 Scaffigs 的 read1 的 FASTQ 文件】
---*.unmapping.fq2.gz	【各样品没有 map 上 Scaffigs 的 read2 的 FASTQ 文件】
---Sample/NOVO_MIX	【各样品对应的组装结果，文件夹以样品名称来命名; NOVO_MIX 为 unmapped reads 混合组装的结果】

```

|      |---*.scafSeq.fa
|      |---*.scafSeq.500.ss.txt
|      |---*.scaftigs.fa
|      |---*.scaftigs.500.ss.txt
|      |---*.len.png
|      |---*.len.svg
|---03.GenePredict
|  |---GenePredict
|  |  |---Sample/NOVO_MIX
|  |  |---*.CDS.fa
|  |  |---*.protein.fa
|  |  |---*.mgm.gff
|  |  |---*.CDS.fa.stat.xls
|  |  |---*.CDS.fa.integrity.stat.xls
|  |  |---*.CDS.fa.len.{png|svg|xls}
|  |---UniqGenes
|  |  |---Unigenes.CDS.cdhit.fa
|  |  |---Unigenes.CDS.cdhit.fa.integrity.stat.xls
|  |  |---Unigenes.CDS.cdhit.fa.len.{png|svg|xls}
|  |  |---Unigenes.CDS.cdhit.fa.stat.xls
|  |  |---Unigenes.protein.fa
|  |  |---Unigenes.protein.cdhit.fa
|  |  |---Unigenes.protein.cdhit.fa.len.xls
|  |  |---Unigenes.protein.table.txt
|  |---GeneStat

```

【单样品 Scaffold 序列】

【按照长度 500 进行过滤后，单样品 Scaffold 序列信息统计表】

【按照长度 500 进行过滤后，单样品 Scaftigs 序列】

【按照长度 500 进行过滤后，单样品 Scaftigs 序列信息统计表】

【Scaftigs 长度分布图，png 格式】

【Scaftigs 长度分布图，svg 格式】

【基因预测及丰度分析结果】

【基因预测结果】

【各样品对应的基因预测结果，文件夹以样品名称来命名】

【预测基因核苷酸 FASTA 文件】

【预测基因氨基酸 FASTA 文件】

【基因预测结果文件，gff 格式】

【预测基因统计结果】

【预测基因的完整性统计信息】

【基因碱基序列长度分布统计图及统计表，png 格式和 svg 格式】

【基因去冗余分析结果】

【去冗余后的基因核苷酸 FASTA 文件】

【去冗余后的基因完整性统计表】

【去冗余后的基因核苷酸序列的长度分布统计图及统计表，png 格式和 svg 格式】

【去冗余后的基因核苷酸序列基本信息统计表】

【去冗余前的基因氨基酸 FASTA 文件】

【去冗余后的基因氨基酸 FASTA 文件】

【去冗余后的基因氨基酸序列的长度分布统计表】

【去冗余后的代表基因，代表基因所属 cluster 数目及基因编号表】

【基因的统计分析结果】

```

| | |---core_pan
| | |---correlation
| | |---genebox
| | |---venn_flower
| |---GeneTable
| | |---Sample
| | | |---coverage_depth.png
| | | |---coverage_depth.svg
| | | |---coverage.depth.table.xls
| | |---Total
| | | |---Unigenes.readsNum.xls
| | | |---Unigenes.readsNum.even.tree
| | | |---Unigenes.readsNum.relative.xls
| | | |---Unigenes.readsNum.screening.fa
| | | |---Unigenes.readsNum.even.xls

| | |---Relative
| | | |---Unigenes.relative.{k,p,c,o,f,g,s}.xls
| |---GeneNums

```

【core 基因与 pan 基因分析结果】

【各样品基因丰度相关相关性分析结果】

【组间基因数目箱图】

【基因数目韦恩图&花瓣图结果】

【基因丰度分析结果】

【各样品的基因 Reads Mapping 结果，文件夹以样品名称来命名】

【覆盖深度分布图，png 格式】

【覆盖深度分布图，svg 格式】

【各基因覆盖度总体情况统计,包含覆盖度，覆盖长度等信息】

【基因丰度表文件夹】

【基因在各样品中的覆盖 reads 数】

【从基因在各样品中均一化后的丰度表出发，获得的 BC 距离聚类

【基因在各样品中的相对丰度表】

【按照 reads 数目进行过滤后的基因序列文件，FASTA 格式】

【基于相对丰度表，以各样品中比对 reads 数目最大值进行均一化后的丰度表】

【相对丰度矩阵：基于绝对丰度矩阵得到的相对丰度矩阵】

【各分类水平（界门纲目科属种）上物种相对丰度矩阵】

【物种注释基因数目统计】

```

| |         |--Unigenes.absolute.{k,p,c,o,f,g,s}.xls
| |--GeneNums.BetweenSamples/
| |         |--Unigenes.absolute.{k,p,c,o,f,g,s}.xls
| |--GeneNums.BetweenSamples.heatmap/
| |     |--{kingdom,phylum,class,order,family,genus,species}
| |     |--{k,p,c,o,f,g,s}.genenum.heatmap.txt.{png,pdf}
| |     |--{k,p,c,o,f,g,s}.genenum.heatmap.txt
| |--MicroNR_Anno
| |     |--Unigenes.lca.tax.detail.xls
| |     |--Unigenes.lca.tax.xls
| |     |--Unigenes.m8.tax.xls
| |     |--Unigenes.screening.m8.xls
| |--Cluster_Tree
| |     |--figure
| |     |     |--Bar.tree.{k,p,c,o,f,g,s}10.png
| |     |--table
| |--heatmap
| |     |--figure
| |     |--table
| |--PCA
| |     |--{kingdom,phylum,class,order,family,genus,species}
| |     |--PCA12_2.pdf
| |     |--PCA12_2.png
| |     |--PCA12.pdf
| |     |--PCA12.png

```

【各分类水平（界门纲目科属种）的注释基因数目矩阵】

【各样品间注释基因数目统计】

【各分类水平（界门纲目科属种）上，在各样品间的注释基因数目矩阵】

【基于各样品间各层级上的基因数目的热图分析】

【各个分类层级下基因数目热图分析结果】

【各样品间各分类水平基于基因数目的 heatmap 热图，pdf 和 png 格式】

【各样品间各分类水平基于基因数目的 heatmap 热图分析所用文件】

【MicroNR 注释结果统计】

【非冗余基因比对上 MicroNR 库的 LCA 注释结果，详细的物种信息】

【非冗余基因对应的 LCA 注释结果】

【从 blast m8 结果出发添加了 reference 对应的 tax id 及物种信息】

【经过过滤后的 blast m8 结果】

【样品聚类分析结果】

【样品在各水平上的聚类分析图，pdf 及 png 格式】

【样品在各水平上的聚类分析图，pdf 及 png 格式】

【各水平上样品聚类分析所使用的文件】

【物种丰度聚类分析结果】

【物种在各水平上的丰度聚类图，pdf 及 png 格式】

【各水平上物种丰度聚类所使用的文件】

【PCA 分析结果，下一级按照分类层级分为各个目录】

【各个分类层级下 PCA 分析结果】

【没有标示样品名称的 PCA 分析结果，pdf 格式】

【没有标示样品名称的 PCA 分析结果，png 格式】

【标示了样品名称的 PCA 分析结果，pdf 格式】

【标示了样品名称的 PCA 分析结果，png 格式】

		---pca.csv	【各个主成分分析结果】
		---PCA_stat_correlation1.txt	【第一主成分分析结果】
		---PCA_stat_correlation2.txt	【第二主成分分析结果】
		---PCoA	
		---{k,p,c,o,f,g,s}	【不同的分类层级】
		---BCD.xls	【BC 距离的分析结果】
		---PCoA12-2.pdf	【没有标示样品名称的 PCoA 分析结果, pdf 格式】
		---PCoA12-2.png	【没有标示样品名称的 PCoA 分析结果, png 格式】
		---PCoA12.pdf	【标示样品名称的 PCoA 分析结果, pdf 格式】
		---PCoA12.png	【标示样品名称的 PCoA 分析结果, png 格式】
		---PCoA.csv	【各个主成分分析结果】
		---MetaStats	【各个分类层级下 MetaStats 及箱图结果】
		---{kingdom,phylum,class,order,family,genus,species}	【各个分类层级下 MetaStats 及箱图结果】
		---boxplot	【具有显著性差异物种的箱图结果】
		---PCA	【具有显著性差异物种的 PCA 分析结果】
		---cluster.*.diff.{png,pdf txt}	【具有显著性差异物种的 heatmap 热图分析结果和输入文档】
		---A-vs-B.test.xls	【MetaStats 分析计算结果】
		---A-vs-B.qsig.xls	【q 值小于 0.05 分析计算结果】
		---A-vs-B.Psig.xls	【p 值小于 0.05 分析计算结果】
		---*_diff_relative.xls	【差异物种在各样品中的丰度信息】
		---{k,p,c,o,f,g,s}_qsig.xls	【各层级 q 值小于 0.05 的差异物种结果】
		---Krona	【Krona 网页展示相关文件】
		---top	【物种注释结果在各样本中各水平上丰度前 10 的物种统计及柱形图结果】
		---figure	【物种注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度柱形图,png 及 svg 格式】
		---table	【物种注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度数据】
		---top_group	【物种注释结果在各组中各水平上丰度前 10 的物种统计及柱形图结果】
		---figure	【物种注释结果在各组中各个层级排名前 10 的物种丰度柱形图,png 及 svg 格式】
		---table	【物种注释结果在各组中各个层级排名前 10 的物种丰度数据】
		---Anosim/	【Anosim 分析结果】
		--- { phylum,class,order,family,genus,species }	【各个层级的分析结果】

```

| | | |-- A-vs-B.pdf
| | | |-- A-vs-B.png
| | | |-- stat_anosim.txt 【Anosim 统计分析结果】
| |--LDA/
| | | |-- 1_A-vs-B
| | | | | --- heatmap
| | | | | |-- cluster.pdf
| | | | | |-- cluster.png
| | | | | |-- cluster.txt
| | | | | |-- LDA.1.pdf
| | | | | |-- LDA.1.png
| | | | | |-- LDA.1.raw.res
| | | | | |-- LDA.1.res
| | | | | |-- LDA.1.tree.pdf
| | | | | |-- LDA.1.tree.png
| | | | | |-- LDA.png
| | | | | |-- ROC
| | | | | |-- CG-vs-EG_predict_probabilty.xls
| | | | | |-- CG-vs-EG_ROC.pdf
| | | | | |-- CG-vs-EG_ROC.png
| |--NMDS/
| | | |-- { phylum,class,order,family,genus,species}
| | | | | |-- NMDS_2.pdf
| | | | | |-- NMDS_2.png
| | | | | |-- NMDS.pdf
| | | | | |-- NMDS.png
| | | | | |-- NMDS_scores.txt
|- -- -- 05.FunctionAnnotation
| |--CAZy
| | |--CAZy_Anno
| | | |--cazy.unigenes.num.pdf
| | | |--cazy.unigenes.num.png

```

【Anosim 分析箱图展示, PDF 格式】

【Anosim 分析箱图展示, PNG 格式】

【lefse 分析结果】

【差异物种 heatmap 展示结果】

【物种聚类热图展示, PDF 格式】

【物种聚类热图展示, PNG 格式】

【聚类热图分析所用文件】

【LDA 柱状图结果展示, PDF 格式】

【LDA 柱状图结果展示, PNG 格式】

【线性判别分析统计结果】

【线性判别分析统计结果（过滤）】

【lefse 进化分支图, PDF 格式】

【lefse 进化分支图, PNG 格式】

【进化分支图, LDA 柱状图合并展示结果】

【ROC 曲线】

【分类预测的概率值】

【ROC 曲线展示, PDF 格式】

【ROC 曲线展示, PNG 格式】

【NMDS 分析结果】

【各个层级分析结果】

【分析结果展示无样品名称, PDF 格式】

【分析结果展示无样品名称, PNG 格式】

【分析结果展示有样品名称, PDF 格式】

【分析结果展示有样品名称, PNG 格式】

【各样品在两个主成分轴上的位置坐标】

【功能注释及丰度分析结果】

【CAZy 数据库分析结果】

【CAZy 注释结果统计】

【注释到 CAZy 第一层级的基因数目统计图, pdf 格式】

【注释到 CAZy 第一层级的基因数目统计图, png 格式】

				---cazy.unigenes.num.txt
				---Unigenes.blast.m8.filter.anno.xls
				---Unigenes.blast.m8.filter.xls

【注释到 CAZy 第一层级的基因数目统计结果】

【过滤后的 blast 结果的注释信息】

【过滤后的 blast 结果文件，Blast 软件的 m8 格式】

		---Unigenes.level1.bar.png	【CAZy 第一层级上的相对丰度统计图】
		---Unigenes.level1.bar.svg	【CAZy 第一层级上的相对丰度统计图】
		---Unigenes.level1.bar.tree.png	【CAZy 功能聚类分析结果】
		`---Unigenes.level1.bar.tree.svg	【CAZy 功能聚类分析结果】
		---CAZy_MAT	【CAZy 相对丰度和绝对丰度分析结果: ec 为酶, level1 为六大功能类, level2 为子功能】
		---Absolute	【各样品在 ec, level1 和 level2 不同水平的绝对丰度均一化矩阵】
		`---Relative	【各样品在 ec, level1 和 level2 不同水平的相对丰度矩阵】
		---GeneNums	【注释到的基因数目、基因 id 统计, ec 为酶, level1 为六大功能类, level2 为子功能】
		---GeneNums.BetweenSamples	【各样品中基因数目统计】
		---GeneNums.BetweenSamples.heatmap	【各样品注释到的基因数目的聚类热图】
		---heatmap	【各层级的相对丰度聚类热图以及作图数据】
		---MetaStats	【各样品的 MetaStats 统计结果, EC 为酶, level1 为六大功能类, level2 为子功能】
		---EC	【各样品在 EC 水平的 MetaStats 统计结果】
		---level1	【各样品在 CAZy 第一层级的 MetaStats 统计结果】
		`---level2	【各样品在 CAZy 第二层级的 MetaStats 统计结果】
		---PCA	【各样品的 PCA 分析结果, EC 为酶, level1 为六大功能类, level2 为子功能】
		---ec	【各样品在 EC 水平的 PCA 分析结果】
		---level1	【各样品在 CAZy 第一层级的 PCA 分析结果】
		---level2	【各样品在 CAZy 第二层级的 PCA 分析结果】
		---PCoA	【各样品的 PCoA 分析结果】
		[ec.level1.level2]	【不同的分类层级】
		---BCD.xls	【BC 距离的分析结果】
		---PCoA12-2.pdf	【没有标示样品名称的 PCoA 分析结果, pdf 格式】
		---PCoA12-2.png	【没有标示样品名称的 PCoA 分析结果, png 格式】
		---PCoA12.pdf	【标示样品名称的 PCoA 分析结果, pdf 格式】
		---PCoA12.png	【标示样品名称的 PCoA 分析结果, png 格式】
		---PCoA.csv	【各个主成分分析结果】
		-- Anosim	
		-- level2	【第二层级 Anosim 结果展示】
		-- A-B.pdf	【分析结果箱图展示, PDF 格式】
		-- A-B.png	【分析结果箱图展示, PNG 格式】


```

| | | |-- stat_anosim.txt
| | |--LDA
| | | |-- level2
| | | | |-- A-vs-B
| | | | | |-- heatmap
| | | | | | |-- cluster.pdf
| | | | | | |--- cluster.png
| | | | | | |--- cluster.txt
| | | | | |-- LDA
| | | | | | |-- LDA.1.pdf
| | | | | | |-- LDA.1.png
| | | | | | |-- LDA.1.res
| | | | | |-- ROC
| | | | | | |-- A-vs-B_predict_probabilty.xls
| | | | | | |-- A-vs-B_ROC.pdf
| | | | | | |-- A-vs-B_ROC.png
| | |-- NMDS
| | | |-- ec
| | | | |-- NMDS_2.pdf
| | | | |-- NMDS_2.png
| | | | |-- NMDS.pdf
| | | | |-- NMDS.png
| | | | |-- NMDS_scores.txt
| | | |-- level1
| | | | |-- NMDS_2.pdf
| | | | |-- NMDS_2.png
| | | | |-- NMDS.pdf
| | | | |-- NMDS.png
| | | | |-- NMDS_scores.txt
| | | |-- level2
| | | | |-- NMDS_2.pdf
| | | | |-- NMDS_2.png
| | | | |-- NMDS.pdf

```

【Anosim 统计分析结果】

【线性判别分析 LDA 结果目录】

【第二层级结果目录】

【组间比较结果】

【差异物种聚类热图】

【聚类热图结果展示, PDF 格式】

【聚类热图结果展示, PNG 格式】

【聚类热图分析所用文件】

【线性判别分析 LDA 值柱状图】

【LDA 柱状图结果展示, PDF 格式】

【LDA 柱状图结果展示, PNG 格式】

【线性判别分析统计结果】

【ROC 曲线】

【分类预测的概率值】

【ROC 曲线展示, PDF 格式】

【ROC 曲线展示, PNG 格式】

【NMDS 分析结果目录】

【EC 层级】

【分析结果展示无样品名称, PDF 格式】

【分析结果展示无样品名称, PNG 格式】

【分析结果展示有样品名称, PDF 格式】

【分析结果展示有样品名称, PNG 格式】

【各样品在两个主成分轴上的位置坐标】

【第一层级结果目录】

【分析结果展示无样品名称, PDF 格式】

【分析结果展示无样品名称, PNG 格式】

【分析结果展示有样品名称, PDF 格式】

【分析结果展示有样品名称, PNG 格式】

【各样品在两个主成分轴上的位置坐标】

【第二层级结果目录】

【分析结果展示无样品名称, PDF 格式】

【分析结果展示无样品名称, PNG 格式】

【分析结果展示有样品名称, PDF 格式】

			-- NMDS.png	【分析结果展示有样品名称，PNG 格式】
			-- NMDS_scores.txt	【各样品在两个主成分轴上的位置坐标】
			---eggNOG	【eggNOG 数据库分析结果】
			---top	【CAZy 注释结果在各样本中各水平上丰度前 10 的物种统计及柱形图结果】
			--figure	【CAZy 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度柱形图,png 及 svg 格式】
			--table	【CAZy 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度数据】
			---top_group	【CAZy 注释结果在各组中各水平上丰度前 10 的物种统计及柱形图结果】
			--figure	【CAZy 注释结果在各组中各个层级排名前 10 的物种丰度柱形图,png 及 svg 格式】
			--table	【CAZy 注释结果在各组中各个层级排名前 10 的物种丰度数据】
			---eggNOG_Anno	【eggNOG 注释结果统计】
			---eggNOG.unigenes.num.pdf	【注释到 eggNOG 第一层级的基因数目统计图，pdf 格式】
			---eggNOG.unigenes.num.png	【注释到 eggNOG 第一层级的基因数目统计图，png 格式】
			---eggNOG.unigenes.num.txt	【注释到 eggNOG 第一层级的基因数目统计结果】
			---Unigenes.blast.m8.filter.xls	【过滤后的 blast 结果文件，Blast 软件的 m8 格式】
			---Unigenes.level1.bar.png	【eggNOG 第一层级上的相对丰度统计图】
			---Unigenes.level1.bar.svg	【eggNOG 第一层级上的相对丰度统计图】
			---Unigenes.level1.bar.tree.png	【eggNOG 功能聚类分析结果，pdf 格式】
			`---Unigenes.level1.bar.tree.svg	【eggNOG 功能聚类分析结果，svg 格式】
			---eggNOG_MAT	【eggNOG 相对丰度和绝对丰度分析结果：level1 为第一层级，level2 为第二层级，og 为直系同源簇】
			---Absolute	【各样在 level1，level2 和 og 水平注释到的绝对丰度均一化矩阵】
			`---Relative	【各样在 level1，level2 和 og 水平注释到的相对丰度矩阵】
			---GeneNums	【注释到的基因数目、基因 id 统计，相对丰度和绝对丰度分析结果】
			---GeneNums.BetweenSamples	【各样品中基因数目统计】
			---GeneNums.BetweenSamples.heatmap	【各样品注释到的基因数目的聚类热图】
			---heatmap	【各层级的相对丰度聚类热图以及作图数据】
			---NOG.Tax	【ortholog group 物种归属分析结果】
			---MetaStats	【各样品的 MetaStats 统计结果，level1 为第一层级，level2 为第二层级，og 为直系同源簇】
			---level1	【各样品在 eggNOG 第一层级的 MetaStats 统计结果】
			---level2	【各样品在 eggNOG 第二层级的 MetaStats 统计结果】
			---og	【各样品在 og 水平的 MetaStats 统计结果】
			---PCA	【各样品的 PCA 分析结果】

| | | |---level1
| | | |---level2
| | | |---Unigenes.blast.m8.filter.anno.xls

【各样品在 eggNOG 第一层级的 PCA 分析结果】

【各样品在 eggNOG 第一层级的 PCA 分析结果】

【过滤后的 blast 结果的注释结果】

					-- NMDS_scores.txt	【各样品在两个主成分轴上的位置坐标】
					-- level2	【第二层级结果目录】
					-- NMDS_2.pdf	【分析结果展示无样品名称，PDF 格式】
					-- NMDS_2.png	【分析结果展示无样品名称，PNG 格式】
					-- NMDS.pdf	【分析结果展示有样品名称，PDF 格式】
					-- NMDS.png	【分析结果展示有样品名称，PNG 格式】
					-- NMDS_scores.txt	【各样品在两个主成分轴上的位置坐标】
					-- og	【og 层级分析结果目录】
					-- NMDS_2.pdf	【分析结果展示无样品名称，PDF 格式】
					-- NMDS_2.png	【分析结果展示无样品名称，PNG 格式】
					-- NMDS.pdf	【分析结果展示有样品名称，PDF 格式】
					-- NMDS.png	【分析结果展示有样品名称，PNG 格式】
					-- NMDS_scores.txt	【各样品在两个主成分轴上的位置坐标】
					-- top	【eggNOG 注释结果在各样本中各水平上丰度前 10 的物种统计及柱形图结果】
					-- figure	【eggNOG 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度柱形图,png 及 svg 格式】
					-- table	【eggNOG 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度数据】
					-- top_group	【eggNOG 注释结果在各样本中各水平上丰度前 10 的物种统计及柱形图结果】
					-- figure	【eggNOG 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度柱形图,png 及 svg 格式】
					-- table	【eggNOG 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度数据】
					-- KEGG 【KEGG 数据库分析结果】	
					-- Anosim	
					-- level2	【第二层级 Anosim 结果展示】
					-- A-B.pdf	【分析结果箱图展示，PDF 格式】
					-- A-B.png	【分析结果箱图展示，PNG 格式】
					-- stat_anosim.txt	【Anosim 统计分析结果】
					--LDA	【线性判别分析 LDA 结果目录】
					-- ko	【ko 层级结果目录】
					-- A-vs-B	【*组间比较结果】
					-- heatmap	【差异物种聚类热图】
					-- cluster.pdf	【聚类热图结果展示，PDF 格式】
					-- cluster.png	【聚类热图结果展示。PNG 格式】
					-- cluster.txt	【聚类热图分析所用文件】
					-- LDA	【线性判别分析 LDA 值柱状图】
					-- LDA.1.pdf	【LDA 柱状图结果展示，PDF 格式】

```
| | | | | |-- LDA.1.png
| | | | | |-- LDA.1.res
| | | | | |--ROC
| | | | | |-- A-vs-B_predict_probabilty.xls
| | | | | |-- A-vs-B_ROC.pdf
| | | | | |-- A-vs-B_ROC.png
| | |---GeneNums
```

[ec,ko,level1,level2,level3,module]

```
| | |--- GeneNums.BetweenSample/
| | |--- GeneNums.BetweenSamples.heatmap
| | |--- heatmap
| | |---KEGG_Anno
| | | |---kegg.unigenes.num.pdf
| | | |---kegg.unigenes.num.png
| | | |---kegg.unigenes.num.txt
| | | |--- Unigenes.blast.m8.filter.anno.xls
| | | |---Unigenes.blast.m8.filter.xls
| | | |---Unigenes.level1.bar.{png,svg}
| | | |---Unigenes.level1.bar.tree.{png,svg}
| | |---KEGG_MAT
| | | |---Absolute
| | | |---Relative
| | |---MetaStats
| | | |---ec
| | | |---ko
| | | |---module
| | | |---level2
| | | |---level3
| | |---pathwaymaps
| | |---PCA
| | |---ec
```

【LDA 柱状图结果展示，PNG 格式】

【线性判别分析统计结果】

【ROC 曲线】

【分类预测的概率值】

【ROC 曲线展示，PDF 格式】

【ROC 曲线展示，PNG 格式】

【注释到的基因数目、基因 id 统计，ec 为酶，ko 为直系同源的功能,level1 为生物代谢通路，level2 为子功能，level3 为代谢通路图,module 为模块分析】

【不同的分类层级】

【各样品中基因数目统计】

【各样品注释到的基因数目的聚类热图】

【各层级的相对丰度聚类热图以及作图数据】

【KEGG 注释结果统计】

【注释到 KEGG 第一层级的基因数目统计图】

【注释到 KEGG 第一层级的基因数目统计图】

【注释到 KEGG 第一层级的基因数目统计文件】

【过滤后的 blast 结果的注释信息】

【过滤后的 blast 结果的注释信息】

【KEGG 第一层级上的相对丰度统计图】

【KEGG 功能聚类分析结果】

【KEGG 各层级的相对丰度和绝对丰度分析结果】

【各样品在 ec，ko，module，level1，level2 和level3 水平绝对丰度矩阵】

【各样品在 ec，ko，module，level1，level2 和level3 水平相对丰度矩阵】

【各样品的 MetaStats 统计结果】

【各样品在酶水平的 MetaStats 统计结果】

【各样品在 ko 水平的 MetaStats 统计结果】

【各样品在 module 水平的 MetaStats 统计结果】

【各样品在 KEGG 第二层级的 MetaStats 统计结果】

【各样品在 KEGG 第三层级的 MetaStats 统计结果】

【代谢通路比较分析结果】

【各样品的 PCA 分析结果】

【各样品在酶水平的 PCA 分析结果】

```
| | | |--ko  
| | | |--level1  
| | | |--level2  
| | | |--level3  
| | | |--module  
| | |--PCA  
| | | {ec,ko,level1,level2,level3,module}  
| | | |--BCD.xls  
| | | | |--PCoA12-2.pdf  
| | | | |--PCoA12-2.png  
| | | | |--PCoA12.pdf  
| | | | |--PCoA12.png  
| | | | |--PCoA.csv  
| | |-- top  
| | | |-- figure  
| | | |-- table  
| | |-- top_group  
| | | |-- figure  
| | | |-- table  
| |-- --CARD  
| | |-- Unigenes.protein.rgi.del.txt  
| | |-- stat_result/  
| | | |--getARO.xls
```

【各样品在ko水平的PCA 分析结果】

【各样品在level1 水平的PCA 分析结果】

【各样品在level2 水平的PCA 分析结果】

【各样品在level3 水平的PCA 分析结果】

【各样品在 module 水平的PCA 分析结果】

【各样品的 PCoA 分析结果】

【不同的分类层级】

【BC 距离的分析结果】

【没有标示样品名称的 PCoA 分析结果, pdf 格式】

【没有标示样品名称的 PCoA 分析结果, png 格式】

【标示样品名称的 PCoA 分析结果, pdf 格式】

【标示样品名称的 PCoA 分析结果, png 格式】

【各个主成分分析结果】

【KEGG 注释结果在各样本中各水平上丰度前 10 的物种统计及柱形图结果】

【KEGG 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度柱形图,png 及 svg 格式】

【KEGG 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度数据】

【KEGG 注释结果在各样本中各水平上丰度前 10 的物种统计及柱形图结果】

【KEGG 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度柱形图,png 及 svg 格式】

【KEGG 注释结果在各样本中各个层级排名前 10 的物种丰度数据】

【CARD 数据库分析结果】

【RGI 软件预测的结果文件】

【对Unigenes 中ARO 预测结果的分析目录】

【各样品中抗性基因的丰度及 ARO 归属信息表】

```

| | | --stat.ARO.absolute.xls
| | | --stat.ARO.relative.xls
| | | --stat.ARO.id.xls
| | | --bar/
| | | --stat.ARO.ppm.png
| | | --stat.ARO.ppm.svg
| | | --stat.ARO.RelativePercent.png
| | | --stat.ARO.RelativePercent.svg
| | | --stat.ARO.relative.per.xls
| | | --stat.ARO.relative.ppm.xls
| | | --box/
| | | --arobox/
| | | --aro.xls
| | | --group.ARObox.pdf
| | | --group.ARObox.png
| | | --genebox/
| | | --gene.xls
| | | --group.genebox.pdf
| | | --group.genebox.png
| | | --circos/
| | | --stat.ARO.relative.circos.xls
| | | --circos.overview.png
| | | --circos.overview.svg
| | | --heatmap/
| | | --aro_heat/
| | | --heat.pdf
| | | --heat.png
| | | --stat.ARO.relative.heat.xls
| | | --aro_bw/
| | | --bw.pdf
| | | --bw.png
| | | --stat.ARO.relative.bw.xls

```

【各样品中 ARO 的绝对丰度信息表，ARO 按最大值排序】
【各样品中 ARO 的相对丰度信息表，ARO 按最大值排序】
【各样品中 ARO 的绝对丰度信息表，含有抗性基因 ID，未排序】
【柱状图结果】
【top20 的 ARO 在各样品的相对丰度柱状图，PNG 格式】
【top20 的 ARO 在各样品的相对丰度柱状图，SVG 格式】
【top20 的 ARO 在各样品的相对百分含量柱状图，PNG 格式】
【top20 的 ARO 在各样品的相对百分含量柱状图，SVG 格式】
【top20 的 ARO 在各样品的相对百分含量表格】
【top20 的 ARO 在各样品的相对丰度表格】

【ARO 数目箱型图】
【各样品 ARO 数目表格】
【组间 ARO 数目箱型图，PDF 格式】
【组间 ARO 数目箱型图，PNG 格式】
【基因数目箱型图】
【各样品基因数目表格】
【组间各样品抗性基因数目箱型图，PDF 格式】
【组间各样品抗性基因数目箱型图，PNG 格式】
【各样品中 ARO 丰度圈图结果目录】
【top10 的 ARO 在各样品中相对丰度表，单位为 ppm】
【各样品中 top10 ARO 丰度圈图，PNG 格式】
【各样品中 top10 ARO 丰度圈图，SVG 格式】
【ARO 存在情况及丰度热图结果目录】
【top30 ARO 各样品中丰度热图结果目录】
【各样品中 top30 ARO 丰度聚类热图，PDF 格式】
【各样品中 top30 ARO 丰度聚类热图，PNG 格式】
【各样品中 top30 ARO 丰度表】
【top30 ARO 各样品中黑白热图结果目录】
【各样品中 top30 ARO 黑白热图，PDF 格式】
【各样品中 top30 ARO 黑白热图，PNG 格式】
【各样品中 top30 ARO 丰度表】


```
| | | --twocircle/  
| | | | --CG_taxonomy.png  
| | | | --CG_taxonomy.svg  
| | | | --card.gene.absolute.total.tax.xls  
| | | -- venn_flower/
```

【抗性基因与物种归属关系双圈图】

【某分组中抗性基因与物种归属关系双圈图，PNG 格式】

【某分组中抗性基因与物种归属关系双圈图，SVG 格式】

【各样本中抗性基因的丰度及物种归属信息表】

【基因数目韦恩图&花瓣图结果】