
诺禾致源
宏基因组交付目录说明手册
(V4.2)



2017 年 05 月 01 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
-- ARDB —— 【抗性基因注释分析结果】	3
-- ARDB_Anno —— 【ARDB 注释结果统计】	3
-- ARDB.ANNO.XLS —— 【所有样品中抗性基因的注释结果和丰度统计表】	3
-- ARDB.FILTER.M8.XLS —— 【ARDB 数据库比对并过滤后的 BLAST M8 结果】	3
-- ABSOLUTE —— 【绝对丰度矩阵：基于样品间基因数目均一化以后得到的绝对丰度矩阵】	5
-- RELATIVE —— 【相对丰度矩阵：基于绝对丰度矩阵得到的相对丰度矩阵】	6
-- GENENUMS —— 【各样品中抗性基因数目统计】	6
-- BAR_PLOT —— 【各个样品中丰度排名前 30 的抗生素抗性基因统计及柱形图结果】	6
-- OVERVIEW —— 【各抗性基因在各样品中丰度分布圈图】	6
-- HEATMAP —— 【抗性基因类型分布和丰度聚类热图】	7
-- BOX_PLOT —— 【组间抗性基因类型和抗性基因数目差异箱图】	8
-- VENN_FLOWER —— 【样品（组）抗性基因韦恩（花瓣）图】	8
-- ARDB_TAX —— 【抗性基因物种归属和抗性机制分析展示】	8

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

| |-- ARDB —— 【抗性基因注释分析结果】

| | |--ARDB_Anno—— 【ARDB 注释结果统计】

| | | |-- ARDB.anno.xls—— 【所有样品中抗性基因的注释结果和丰度统计表】

| | | |--ARDB.filter.m8.xls—— 【ARDB 数据库比对并过滤后的 blast m8 结果】

该文件为将代表性基因和 ARDB 数据库比对后生成的 blast m8 格式的文件，可以用 excel 打开该文件，在该文件中，各列所代表的含义如下：

列数	说明
----	----

1 目标核酸或氨基酸序列的 ID，编号的有效字符有[a-zA-Z0-9.:^x!+_?~]。

2 数据库序列的 ID。

3 目标核酸或氨基酸序列与数据库序列比对的 Identity 值。

4 目标核酸或氨基酸序列与数据库序列比对的长度。

5 目标核酸或氨基酸序列与数据库序列比对区域的比对错配数。

6 目标核酸或氨基酸序列与数据库序列比对区域的比对空位数。

7 目标核酸或氨基酸序列的比对起始坐标。

8 目标核酸或氨基酸序列的比对终止坐标。

9 数据库序列的比对起始坐标。

10 数据库序列的比对终止坐标。

11 目标核酸或氨基酸序列与数据库序列比对的期望值。

12 目标核酸或氨基酸序列与数据库序列比对的比对得分

| | | |--ARDB.stat.table.xls——【ARDB 数据库注释后的统计结果】

| | |-- Absolute ——【绝对丰度矩阵：基于样品间基因数目均一化以后得到的绝对丰度矩阵】

| | | |-- all.antibiotic.absolute.xls——【所有抗生素抗性基因的绝对丰度矩阵】

| | | |-- antibiotic.absolute.xls——【把抗性基因能耐受两种以上抗生素进行了首字母缩写合并后的抗性类型的绝对丰度矩阵】

| | | |-- ARGs.absolute.xls——【抗性基因类型的绝对丰度矩阵】

Novogene
诺禾致源

```
| | |-- Relative —— 【相对丰度矩阵：基于绝对丰度矩阵得到的相对丰度矩阵】

| | |-- GeneNums —— 【各样品中抗性基因数目统计】

| | |-- bar_plot—— 【各个样品中丰度排名前 30 的抗生素抗性基因统计及柱形图结果】

| | | |-- antibiotic.{png,svg}—— 【样品中各抗性基因占有所有基因的相对丰度】

| | | |-- per.antibiotic.{png,svg}—— 【样品中各抗性基因占有所有抗性基因的相对丰度】

| | |-- Overview—— 【各抗性基因在各样品中丰度分布圈图】

| | | |-- circos.overview.{png,svg}—— 【各抗性基因在各样品中丰度分布圈图】

| | | |-- antibiotic.ppm.xls—— 【各抗性基因在各样品中丰度统计表】
```

圈图分为两个部分，右侧为样品信息，左侧为 ARG 耐受的抗生素信息。内圈不同颜色表示不同的样品和 Antibiotic，刻度为相对丰度，单位为 ppm，左侧为样品中抗性基因的相对丰度之和，右侧为各 Antibiotic 中抗性基因的相对丰度之和；外圈左侧为各

样品中抗性基因其所属的 Antibiotic 的相对百分含量，外圈右侧为各 Antibiotic 中抗性基因其所在的样品的相对百分含量。

| | | |-- heatmap—— **【抗性基因类型分布和丰度聚类热图】**

| | | | |--arg_bw —— **【抗性基因类型分布 heatmap 热图，pdf 和 png 格式】**

横轴为样品名称，右侧纵轴为抗性基因类型的名称，左侧纵轴色块为抗性基因类型所耐受的抗生素；黑色表示样品中含有该抗性基因类型，白色表示样品中没有该抗性基因类型；

| | | | |-- arg_heat—— **【抗性基因类型的丰度聚类热图，pdf 和 png 格式】**

右侧纵轴为抗性基因类型名称，左侧纵轴的聚类树为抗性基因类型聚类树，连接聚类树的色块表示抗性基因类型所耐受的抗生素，中间热图对应的值为每一行抗性基因类型相对丰度经过标准化处理后得到的 Z 值。

| | | -- box_plot——【组间抗性基因类型和抗性基因数目差异箱图】

| | | --Arg_box ——【组间抗性基因类型差异箱图，pdf 和 png 格式】

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

| | | -- 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。

| | | -- ARDB_Tax——【抗性基因物种归属和抗性机制分析展示】

| | | --ARG_taxonomy ——【组内抗性基因物种归属分布图，svg 和 png 格式】

内圈为抗性基因的物种分布情况，外圈为组内所有样品基因的物种分布情况，通过比较抗性基因所属的物种信息可以直观的反映

哪些物种中存在较多的抗性基因。

| | | | -- ARG_mechanism——【抗性基因的作用机制与物种分布圈图，svg 和 png 格式】

右侧为物种信息，左侧为抗性基因的抗性机制。内圈不同颜色表示不同物种和抗性的抗性机制，刻度为基因数目，左侧为物种中含有该类抗性机制的抗性基因数目之和，右侧为不同抗性机制中该物种含有的抗性基因数目之和；外圈左侧为各物种中抗性基因占其所属抗性机制抗性基因的相对比例，外圈右侧为各抗性机制中抗性基因占其所属物种中抗性基因的相对比例。

`-- 06.ARDBAnnotation--ReadMe.pdf ——【06.ARDBAnnotation 交付结果目录说明】

Novogene
诺禾致源