sample

├── sample.anno.xls

├── sample.xls

├── all

│   ├── GO

│   │   ├── sample.go.barplot.pdf

│   │   ├── sample.go.dotplot.pdf

│   │   ├── sample.go.enrichment.xls

│   │   └── sample.go.report.xls

│   └── KEGG

│   ├── sample.kegg.barplot.pdf

│   ├── sample.kegg.dotplot.pdf

│   ├── sample.kegg.enrichment.xls

│   └── sample.kegg.report.xls

├── down

│   ├── Down.gene.xls

│   ├── GO

│   └── KEGG

└── up

├── GO

├── KEGG

└── Up.gene.xls

1. sample.anno.xls : 候选基因的注释结果文件

在NT、NR等多个数据里的注释信息表

1. sample.xls : 候选基因信息（包括表达量、是否显著等），基于该表做注释和富集分析
2. all：基于sample.xls（即候选的全部基因）做的富集分析结果
3. down：基于sample.xls中up\_down列标记为Down的基因列表做的富集分析结果，即下调基因的富集分析结果。其中Down.gene.xls即下调基因列表。
4. up：基于sample.xls中up\_down列标记为Up的基因列表做的富集分析结果，即上调基因的富集分析结果。其中Up.gene.xls即上调基因列表。

说明：如果基因上下调属性，则不会有up和down结果，只有all的结果

**富集分析结果目录说明：**

1. GO/\*.go.report.xls : 候选基因GO统计结果

（1）ID：GO Term的ID

（2）Ontology：该Term 所属分类

（3）Description：GO Term的描述

（4）Count1：富集到该Term的基因数目；

（5）Count2：用于富集分析的基因数目；

（6）Count3：富集到该Term的的背景基因数目；

（7）Count4：用于富集分析时的背景基因数目；

（8）pval：检验后的p值；

（9）p.adjust：BH方法校正后的p值；

（10）qval：检验后的q值；

（11）\*Gene：富集到该Term上的基因

（12）\*Count：富集到该Term上的基因数目

（13）Links：该GO Term的数据库链接；

（14）Result：该Term是否显著富集，yes，为显著；no，为不显著。

2. GO/\*.dotplot.p\* : GO富集分析气泡图

选取每个类别最显著的10个GO条目（如果不足10则用该类别全部条目）用气泡图展示

纵坐标表示GO条目，横坐标表示富集到该条目的基因数量占总基因的比例，颜色表示padjust，颜色越红表示越显著；气泡大小表示富集到该条目的基因数量，气泡越大表示基因数量越多。

3. GO/\*.barplot.p\* : GO富集分析气泡

选取每个类别最显著的10个GO条目（如果不足10则用该类别全部条目）用条形图展示

纵坐标表示GO条目，横坐标表示富集到该条目的基因数量，颜色表示padjust，颜色越红表示越显著。

4. KEGG/\*.kegg.report.xls : 候选基因KEGG统计结果表

（1）Map：kegg通路编号

（2）Name：kegg通路名称

（3）Count1：富集到该通路的基因数目；

（4）Count2：用于富集分析的基因数目；

（5）Count3：富集到该通路的的背景基因数目；

（6）Count4：用于富集分析时的背景基因数目；

（7）pval：检验后的p值；

（8）p.adjust：BH方法校正后的p值；

（8）qval：检验后的q值；

（9）\*Gene：富集到该通路上的基因

（10）\*Count：富集到该通路上的基因数目

（11）Links：该map的数据库链接；

（12）Result：该map是否显著富集，yes，为显著；no，为不显著。

5. KEGG/\*.dotplot.p\* : KEGG富集分析气泡图

选取最显著的30个pathway通路（如果不足30则用全部通路）用气泡图展示

纵坐标表示通路名称，横坐标表示富集到该通路的基因数量占总基因的比例，颜色表示padjust，颜色越红表示越显著；气泡大小表示富集到该通路的基因数量，气泡越大表示基因数量越多。

6. KEGG/\*.barplot.p\* : KEGG富集分析条形图

选取最显著的30个pathway通路（如果不足30则用全部通路）用条形图展示

纵坐标表示通路名称，横坐标表示富集到该通路的基因数量，颜色表示padjust，颜色越红表示越显著。