

=====文件=====

- 1 . AllSample.SNP_density.png SNP 类型密度图
注：横轴为基因上平均每 1000bp 序列中分布的 SNP 数目，纵轴为基因数。

- 2 . AllSample.SNP_density.stat SNP 类型密度统计结果文件
注： 第一列 Sample: 样品名称；
 第二列 Interval: SNP 密度区间（个 / Kbp）；
 第三列 GeneNum: 在相应（第二列）密度区间的基因数。

- 3 . AllSample.SNP.stat SNP 位点统计表
注： 第一列 BMK-ID: 百迈客对样品的统一编号；
 第二列 SNP Number: SNP 位点总数；
 第三列 Genic SNP: 基因区 SNP 位点总数；
 第四列 Intergenic SNP: 基因间区 SNP 位点总数；
 第五列 Transition: 转换类型的 SNP 位点数目在总 SNP 位点数目中所占的百分比；
 第六列 Transversion: 颠换类型的 SNP 位点数目在总 SNP 位点数目中所占的百分比；
 第七列 Heterozygosity: 杂合型 SNP 位点数目在总 SNP 位点数目中所占的百分比。

- 4 . final.InDel.anno.*.all.list / final.SNP.anno.*.all.list SNP/InDel 位点信息文件
注： 第一列 Chr: SNP/InDel 位点所在染色体编号；
 第二列 Pos: SNP/InDel 位点在染色体上的位置；
 第三列 Gene_id: SNP/InDel 位点所在的基因或原来未注释的基因区（表中用 Intergenic 表示）；
 第四列 Ref: 所选参考基因组中的 SNP/InDel 等位；
 第五列 Alt: 测序样品中识别到的 SNP/InDel；
 第六列 T **: 样品 L**中 SNP/InDel 位点的分型，SNP 类型见附录 1；
 第七列 Depth: 样品 L**中 SNP/InDel 位点的测序深度；
 第八列 AlleDp: 样品 L**中 SNP/InDel 位点各等位点的支持深度；
 第九列 Effect: SNP/InDel 所在区域或类型，Effect 具体说明详见：
 http://snpeff.sourceforge.net/SnpEff_manual.html；
 第十列 Codon_change: 编码改变方式，未改变用点表示。

其中第五列中的 SNP 位点的碱基缩写表见下：

Nucleic Acid	Code	Meaning	Mnemonic
A	A	Adenine	
C	C	Cytosine	
G	G	Guanine	
T	T	Thymine	
U	U	Uracil	
R	A or G	puRine	
Y	C, T or U	pYrimidines	
K	G, T or U	bases which are Ketones	
M	A or C	bases with aMino groups	
S	C or G	Strong interaction	
W	A, T or U	Weak interaction	
B	not A (i.e. C, G, T or U)		B comes after A
D	not C (i.e. A, G, T or U)		D comes after C

H	not G (i.e., A, C, T or U)	H comes after G
V	neither T nor U (i.e. A, C or G)	V comes after U
N	A C G T U	Nucleic acid

=====文件夹=====

1. BMK_1_InDel_anno InDel 注释结果文件夹
2. BMK_2_SNP_anno SNP 注释结果文件夹
3. BMK_3_SNP_type SNP 类型结果文件夹