编写程序对芯片位点进行挑选，可以参考以下函数及函数说明。

VCFutil.VCF\_Data

包 函数名 参数 功能

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 函数名/类名 | 所属包或函数 | 参数 | 功能 |
| VCF\_Data() 类 | from NGS.BasicUtil import VCFutil | 初始化参数为vcf文件名（含路径） | 将vcf文件加载到内存，如果第一次加载某个vcf文件会自动简历索引文件，要求vcf文件字符编码为UTF8 |
| getVcfListByChrom | 通过VCF\_Data实例调用该函数 | chrom=染色体名称,startpos=起始碱基（默认值为1）,endpos=末尾碱基（默认值为无穷大）, dilute=稀释比例（默认1不稀释）, dilutetodensity=稀释到每kb多少个SNP（默认为不稀释，与dilute参数只有一个允许为非默认值）, posUniq=True, considerINDELandmultpleallele=是否返回indel以及复等位基因,MQfilter=MQ值阈值 | 返回该vcf文件的的某一条染色体的全部记录或某一区段的记录，返回值为列表，元素为vcf的每一行（即位点）记录 |
| Window()类 | from NGS.BasicUtil import Util |  | 该实例化对象可以用来调用相关函数进行滑窗操作 |
| slidWindowOverlap | 通过Window()实例调用 | L=顺序排列的列表（如：getVcfListByChrom返回值可以作为该输入）, L\_End\_Pos=该染色体长度, windowWidth=窗口大小, slideSize=滑动长度, Caculator=每个窗口内的计算策略,L\_Start\_Pos=从多少bp开始滑窗（默认为0） | 对L按照参数指定方式滑窗，计算每个窗口的值，计算方法有Caculator决定，L的元素为每个SNP/INDEL/CNV 记录，元素可以是列表或元组，但是元素的第一个元素一定是数字类型的物理位置 |
| CaculatorToFindTAGs(类) |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |