项目分析的主要流程是对原序列bwa比对，将比对后的结果mapping回基因组，根据比对得到的sam文件进行后续富集情况分析，并得到用于生化实验测试的sequence.

1. 富集情况分析
2. Base distribution分析

对sample16,sample20,sample21,sample22,sample23,sample25共6个样本，按以下思路分析：

Step1 将rank50 reads拼成contig，给出contig在genome上的position（手动给出）

Step2 计算每个contig region的reads比对情况（写入不同文件；每行包含信息包括：reads序列、start position、end position、reads数）

Step3 由step2中的数据计算每个contig区域的base覆盖情况，给出每个contig的分布图

1. 得到生化测试序列