```
./
├── AADR_v54.1
│   ├── 1_rawdata
│   │   ├── AADR Annotation.xlsx
│   │   ├── v54.1_1240K_public.bed
│   │   ├── v54.1_1240K_public.bim
│   │   ├── v54.1_1240K_public.fam
│   │   ├── v54.1_1240K_public.hh
│   │   ├── v54.1_1240K_public.log
│   │   ├── v54.1_1240K_public.map
│   │   ├── v54.1_1240K_public.nosex
│   │   └── v54.1_1240K_public.ped
│   └── 2_Ancient_filtered
│       ├── Ancient_ClinVarmarker.py -> ../../script/Ancient_ClinVarmarker.py
│       ├── Ancient.hh
│       ├── Ancient.log
│       ├── Ancient.map
│       ├── Ancient.nosex
│       ├── Ancient.ped
│       ├── Ancient_samples.txt
│       ├── ClinVar_filtered
│       │   ├── Ancient_ClinVfilteredStrict_Genotype.txt
│       │   ├── Ancient_ClinVfilteredStrict.log
│       │   ├── Ancient_ClinVfilteredStrict.map
│       │   ├── Ancient_ClinVfilteredStrict.nosex
│       │   ├── Ancient_ClinVfilteredStrict.ped
│       │   ├── AncientSNP_to_extract.txt
│       │   ├── ClinVar_SNPpathoAncientfiltered.txt
│       │   ├── FilterCommonIDs.py -> ../../../script/FilterCommonIDs.py
│       │   └── PlinkFormat2GenotypeFiltered.py -> ../../../script/PlinkFormat2GenotypeFiltered.py
│       └── ClinVar_markers
│           └── Ancient_markers.txt
├── ClinVar
│   ├── 1_rawdata
│   │   └── variant_summary.txt
│   └── 2_filteredStrict
│       ├── Clinvar_SNPpatho.txt
│       └── FilterClinVar.py -> ../../script/FilterClinVar.py
├── script
│   ├── Ancient_ClinVarmarker.py
│   ├── DiseaseMarkers.py
│   ├── FilterClinVar.py
│   ├── FilterCommonIDs.py
│   └── PlinkFormat2GenotypeFiltered.py
└── TestUsers
    ├── DiseaseMarkers.py -> ../script/DiseaseMarkers.py
    ├── output
    │   ├── Test1_DNAMarkersharedAncient.txt
    │   ├── Test1_DNAmarker.txt
    │   ├── Test2MarkersharedAncient.txt
    │   ├── Test2marker.txt
    │   ├── Test3MarkersharedAncient.txt
    │   ├── Test3marker.txt
    │   ├── Test4_DNAMarkersharedAncient.txt
    │   ├── Test4_DNAmarker.txt
    │   ├── Test5_DNAMarkersharedAncient.txt
    │   └── Test5_DNAmarker.txt
    ├── Test1_DNA.txt
    ├── Test2.csv
    ├── Test3.csv
    ├── Test4_DNA.txt
    └── Test5_DNA.txt
```