

===== = 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；

第二列 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