

- =====文件=====
- 1 . all.SNP.anno.stat.png SNP 注释结果柱状图，所有的 SNP 注释结果
 注：纵轴为 InDel 所在区域或类型，横轴为分类数目。
 - 2 . final_SNP.anno.stat SNP 注释结果统计表
 注：第一列 Region：SNP 发生区域；
 第二列 Type：SNP 类型，详细信息见下；
 all：在各个样品中该类型的总数；
 其他各列：每种 SNP 类型在相应样品中的个数；
 第二列中的 SNP 类型包括以下几种：
 - (1) INTERGENIC: intergenic_region 突变发生在基因间区；
 - (2) INTRAGENIC: intragenic_variant 突变发生在基因区，但是在转录本所有的属性区域外；
 - (3) INTRON: intron_variant 突变发生在内含子区；
 - (4) UPSTREAM: upstream_gene_variant 突变发生在基因上游（默认长度：5K bases）；
 - (5) DOWNSTREAM: downstream_gene_variant 突变发生在基因下游（默认长度：5K bases）；
 - (6) UTR_5_PRIME: 5_prime_UTR_variant 突变发生在 5'UTR 区；
 - (7) UTR_3_PRIME: 3_prime_UTR_variant 突变发生在 3'UTR 区；
 - (8) SPLICE_SITE_ACCEPTOR: splice_acceptor_variant 突变发生在可变剪切受体位点（一般认为外显子起始位置的前两个碱基，第一个外显子除外）；
 - (9) SPLICE_SITE_DONOR: splice_donor_variant 突变发生在可变剪切受体位点（一般认为编码外显子结束位置的后两个碱基，最后一个外显子除外）；
 - (10) SPLICE_SITE_REGION: splice_region_variant 突变发生在可变剪切区域，外显子的 1-3 个碱基或者内含子的 3-8 个碱基；
 - (11) START_GAINED: 5_prime_UTR_premature_start_codon_gain_variant 突变发生在 5'UTR 产生起始密码子的 3 碱基序列中；
 - (12) START_LOST: start_lost 突变发生在起始密码子中，并使得起始密码子变为非起始密码子。
 - (13) SYNONYMOUS_CODING: synonymous_variant 同义突变；
 - (14) NON_SYNONYMOUS_CODING: missense_variant 错义突变；
 - (15) START_LOST: start_lost 突变发生在起始密码子中，并使得起始密码子变为非起始密码子；
 - (16) SYNONYMOUS_STOP : stop_retained_variant 突变使得终止密码子突变为另一个终止密码子；
 - (17) STOP_GAINED : stop_gained 突变产生一个终止密码子；
 - (18) STOP_LOST : stop_lost 突变使得终止密码子突变为非终止密码子。
 3. * . SNP.anno.stat.png SNP 注释结果统计柱状图
 注：纵轴为 SNP 所在区域或类型，横轴为分类数目