++
转录组项目信息分析结果说明文档
++

BMK_5_Unigene_Structure/
BMK_3_SNP_Analysis
BMK_1_SNP_Analysis #SNP 分析结果目录
AllSample.snp.stat #SNP 数量统计表
final.snp.list #SNP 文件,最主要的结果文件
BMK_2_Pairwised_SNP #两两样品间分型不同的 SNP 目录 (分型:指在
两个或多个样品中,相同 SNP 位点,碱基不同)
parwised_snp.stat #两两样品间分型不同的 SNP 统计表
的 SNP,两样品中均杂合
Sample1.Sample2.parwised_snp.hete_homo.list #样品1和样品2间分型不同
的 SNP,样品 1 中杂合,样品 2 中纯合
Sample1.Sample2.parwised_snp.homo_hete.list #样品1和样品2间分型不同
的 SNP,样品 1 中纯合,样品 2 中杂合
Sample1.Sample2.parwised_snp.homo_homo.list #样品 1 和样品 2 间分型不
同的 SNP,两样品中均纯合
Sample1.Sample2.parwised_snp.list #样品 1 和样品 2 间分型不
同的 SNP,所有
`
BMK_3_Single_Sample_SNP
Sample1.snp.list #样品 1 的 SNP 列表
Sample2.snp.list #样品 2 的 SNP 列表
AllSample.SNP_density.png #SNP 密度分布图 (png 格式, 横坐标每 1000 个
碱基中 SNP 的数目;纵坐标:基因的数目)
AllSample.SNP_density.stat #SNP 密度分布统计表
` readme.pdf #结果说明

1. SNP 列表【/SNP Analysis/BMK 1 All SNP/final.snp.list】各列说明:

GeneID: Unigene 编号;

Pos: SNP 位点在 Unigene 上的位置;

Ref: Unigene 序列上该 SNP 位点的碱基;

Alt: 测序样品中识别到的该 SNP 位点的碱基;

Sample1:根据 AlleDp 确定样品 1 该 SNP 位点的碱基类型,Ref 和 Alt 都有 reads 支持时用 简并碱基表示,否则用 reads 支持数为非 0 的碱基表示;

Depth: 样品 1 该 SNP 位点的测序深度;

AlleDp: 样品 1 该 SNP 位点 Ref 的碱基和 Alt 的碱基 reads 支持数,用 "," 分隔,如 "0,3" 表示有 0 个 reads 对应位置的碱基跟 Ref 相同,有 3 个跟 Alt 相同;

... ...

型 同 2. 样 品 1 和 样 2 间 分 不 的 **SNP** 品 【/SNP Analysis/BMK 2 Pairwised SNP/Sample1.Sample2.parwised snp.list】各列说明: GeneID: Unigene 编号;

Pos: SNP 位点在 Unigene 上的位置;

Ref: Unigene 序列上该 SNP 位点的碱基;

Alt: 测序样品中识别到的该 SNP 位点的碱基;

Sample1.genotype: 根据 Sample1.AllDp 确定样品 1 该 SNP 位点的碱基类型, Ref 和 Alt 都有 reads 支持时用简并碱基表示, 否则用 reads 支持数为非 0 的碱基表示;

Sample 1.total Dep: 样品 1 该 SNP 位点的测序深度;

Sample 1. All Dp: 样品 1 该 SNP 位点 Ref 的碱基和 Alt 的碱基 reads 支持数,用","分隔,如"0,3"表示有 0 个 reads 对应位置的碱基跟 Ref 相同,有 3 个跟 Alt 相同;

3. 样品 1 的 SNP【/SNP Analysis/BMK 3 Single Sample SNP/Sample1.snp.list】各列说明:

参考第2条