+------------------------------------------------------------------------------+

| 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

| | | |-- Sample1.Sample2.parwised\_snp.hete\_hete.list #样品1和样品2间分型不同的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；

... ...

################################################################

2. 样品1和样品2间分型不同的SNP【/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；

Sample1.totalDep：样品1该SNP位点的测序深度；

Sample1.AllDp：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