1. 软件的groupSelect选项弹出的方框中，除了haplogroup，再增加一项： population（或者在data框中可以选择多个不同population的文件），这样，比较方式就会变为如下8种（我们的软件目前可以实现4种）：

相同的基因座个数

相同haplogroup

不同的基因座个数

相同population

相同的基因座个数

不同haplogroup

不同的基因座个数

相同的基因座个数

相同haplogroup

不同的基因座个数

不同population

相同的基因座个数

不同haplogroup

不同的基因座个数

2. 能够呈现相同population或不同population内每个haplogroup内有几个haplotype（每个样本在每个基因位点的数字的组合，如L-024的haplotype为17-13-23-29-22-10-17-15-10-18-10-16-25-10-13-40-17-14-14-16-28-14-11-25-36-37-10，其中只要有一个基因位点改变则变成另一个haplotype），输出结果类似如下：

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| population | haplogroup | number of haplotypes |
| Hainan-Han | O1b1a1a1a1a1b | 5 |
| Hainan-Li | O1b1a1a1a1a1b | 44 |
| Taiwan | O1b1a1a1a1a1b | 12 |
| Philippine | O1b1a1a1a1a1b | 9 |
| Vietam | O1b1a1a1a1a1b | 13 |
| Hainan-Han | O2a1c1a1a | 11 |
| Hainan-Li | O2a1c1a1a | 8 |
| Taiwan | O2a1c1a1a | 3 |
| Philippine | O2a1c1a1a | 17 |
| Vietam | O2a1c1a1a | 0 |
| … | … | … |

3. 能够比较同一haplotype对应多少个不同的haplogroup、多少个不同的population，输出结果类似如下：

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | number of haplotype | Sample ID | number of haplogroups | haplogroups (number in each haplogroup) | number of population | population(number in each haplogroup) |
| H1 | 11 | … | 5 | O1b(1), O1b1a1a(3), O2a2b1a1a(3),  O2a1c(2),  O2a1c1a1a(2) | 3 | Hainan-Li(3)  Taiwan(7)  Philippine(1) |
| H2 |  |  |  |  |  |  |
| H3 |  |  |  |  |  |  |
| H4 |  |  |  |  |  |  |
| H5 |  |  |  |  |  |  |
| H6 |  |  |  |  |  |  |
| H7 |  |  |  |  |  |  |
| H8 |  |  |  |  |  |  |
| … |  |  | … | … | … | … |