

VCF file oszlopai:

CHROM	A szekvencia neve (általában egy kromoszóma), amelyen a változást hívják. Ezt a szekvenciát általában referenciaszekvenciának nevezik, azaz a szekvencia, amellyel szemben a megadott minta eltér
POS	A változás 1-alapú pozíciója a megadott szekvencián.
ID	A változás azonosítója, pl. egy dbSNP rs azonosító, vagy ha ismeretlen, egy “.”. Több azonosító pontosvesszőkkel van elválasztva szóköz nélkül.
REF	A referencia bázis (vagy bázisok indel esetén) a megadott pozíció a megadott referencia szekvencián
ALT	Az alternatív allélok listája ezen a pozíción.
QUAL	A minőségi pontszám, amely a megadott allélok következtetésével kapcsolatos
FILTER	Egy jelző, amely azt mutatja, hogy a megadott szűrők közül melyiken bukott a változás, vagy PASS, ha minden szűrőn sikeresen átment.
INFO	Egy kiterjeszthető kulcs-érték pár lista, amely leírja a változást. Lásd alább néhány közös mezőt. Több mezőt pontosvesszők választanak el opcionális értékekkel a következő formátumban: <kulcs>=<adat>[,adat].
FORMAT	Egy kiterjeszthető mezőlista a minták leírásához. Lásd alább néhány közös mezőt. Opcionális
SAMPLES	A fájlban leírt minden mintához értékeket adnak a FORMAT-ban felsorolt mezőknek. Opcionális

Gyakran előforduló adatok az INFO mezőben:

AA	ős allél
AC	allél szám a genotípusokban, minden ALT allélra, a felsorolás sorrendjében
AF	allél gyakoriság minden ALT allélra a felsorolás sorrendjében (ezt használja, ha a primer adatokból becsülték, nem hívott genotípusok)
AN	összes allél a hívott genotípusokban
BQ	RMS bázis minőség ezen a pozíción
CIGAR	cigar string, amely leírja, hogyan kell egy alternatív allélt a referencia allélhoz igazítani
DB	dbSNP tagság
DP	összesített mélység a mintákon, pl. DP=154
END	a rekordban leírt variáns végpozíciója (szimbolikus allélok használatával)
H2	tagság a hapmap2-ben
H3	tagság a hapmap3-ban
MQ	RMS leképezési minőség, pl. MQ=52
MQ0	A MAPQ == 0 olvasások száma, amelyek lefedik ezt a rekordot
NS	Adattal rendelkező minták száma
SB	szál előítélet ezen a pozíción
SOMATIC	jelzi, hogy a rekord egy szomatikus mutáció, a rákkutatásban
VALIDATED	validált követő kísérlet által
1000G	tagság a 1000 Genomes-ben

Gyakran előforduló adatok a FORMAT/SAMPLE mezőben:

AD	Olvasási mélység minden allélra
ADF	Olvasási mélység minden allélra az előre irányuló szálon
ADR	Olvasási mélység minden allélra a hátrafelé irányuló szálon
DP	Olvasási mélység
EC	Várható alternatív allél számok
FT	Szűrő, amely jelzi, hogy ezt a genotípust "hívták-e"
GL	Genotípus valószínűségek
GP	Genotípus utólagos valószínűségek
GQ	Feltételes genotípus minőség
GT	Genotípus
HQ	Haplotype minőség
MQ	RMS leképezési minőség
PL	Phred-skálázott genotípus valószínűségek, kerekítve a legközelebbi egész számra
PQ	Fázis minőség
PS	Fázis készlet