width = 221, height = 100, channel = 7

输入:染色体 chr,位置 k,突变类型 (snp 或 in 或 del),突变 alt

- 1, 取到覆盖该位点的所有 reads (深度 depth),对每条 read 做循环
 - 1> 若该条 read 没有突变信息或比对质量 read_q < 10 或该位点碱基质量 < 10,则 continue
 - 2> 获取该 read 的起点 start_point,碱基序列 base,碱基质量序列 base_q,对应的 ref 序列,正负链信息,cigar 信息。
 - 3> 若 cigar 信息中存在 I, D, 则对 base 和 base_q 做修正:
 - 1> 对于 M 段,保持不变
 - 2> 对于 D 段, base 用"-"表示, base q 为 0
 - 3> 对于 I 段, base 用"*"表示
 - 4> 若 cigar 信息中存在 I,则对 ref 序列做修正,举例说明: base 为 ATGC***GCC,而 ref 为 ATGCGCC,则将 ref 也变为 ATGC***GCC,为了方便后续一一对应做比较
 - 5> 对于[pic_start, pic_end)中的每个点 p 做循环来计算该点值 int poi[7],初始化均为 0
 - 1> 若 p start_point < 0 或 >base 长度-1(该点未被 read 覆盖),则 continue
 - 2> poi[0]根据 base[p]的碱基,A 为 250,G 为 180,T 为 100,C 为 30,N 为 0,"-" 为 0,"*"为 42
 - 3> poi[1]根据 base_q[p],和 40 取 min 后归一化到[0, 254]
 - 4> poi[2]根据 read_q,和 60 取 min 后归一化到[0, 254]
 - 5> poi[3]根据正负链信息,正链 70,负链 240
 - 6> poi[4]根据 read 是否支持该 alt, 支持为 254*0.2 取整, 不支持为 254
 - 7> poi[5]根据 base[p]和 ref 是否一致,一致为 254,不一致为 254*0.6 取整
 - 8> poi[6]根据 cigar 信息,M 和 I 区域用当前片段长度表示,D 区域用 O 表示,举例 说明: 2M1D3M 对应为[2, 2, 0, 3, 3, 3], 2M3I4M 为[2, 2, 3, 3, 3, 4, 4, 4, 4]

根据事先读取的该区域 ref 片段,根据通道 1 为碱基数值,通道 2356 均为 254,通道 4 为 70,通道 7 为 0,这样重复 5 行,后将 reads 数值排在后面,因而 depth = depth + 5 这样,得到一个[depth, width, channel]的像素矩阵。

- 2, 1> 若 depth > height,则从 depth 行中任意选择 height 行
 - 2> 若 depth == height,则保持不变
 - 3> 若 1 < depth < height,则用 0 补全至 height 行
 - 4> 若 depth <= 1,则放弃该位点

最终矩阵规格为[height, width, channel]

3, 因为矩阵中存在 insert 元素, 所以目前矩阵中每一列并没有和 ref ——对应, 所以要调整矩阵来将所有的 insert 区域(poi[0]=="*")空开, 空开部分用 0 补齐, 同时舍弃向右移动超出宽度的部分, 简化举例:原矩阵和调整后的矩阵分别为

]]	1.	1.	42.	42.	1.	1.]
[1.	1.	42.	42.	1.	1.]
[1.	1.	42.	42.	1.	1.]
[1.	1.	2.	3.	1.	1.]
[1.	1.	2.	3.	1.	1.]
[1.	1.	2.	3.	1.	1.]]

]]	1.	1.	42.	42.	1.	1.]
[1.	1.	42.	42.	1.	1.]
[1.	1.	42.	42.	1.	1.]
[1.	1.	0.	0.	2.	3.]
[1.	1.	0.	0.	2.	3.]
[1.	1.	0.	0.	2.	3.]]