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 用对应小写字母表示

4> 若 cigar 信息中存在 I，则对 ref 序列做修正，举例说明：base 为 ATGCatgGCC，而 ref 为 ATGCGCC，则将 ref 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，小写字母对应的 I 区域为 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 0 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 一一对应，所以要调整矩阵来将所有的 insert 区域（poi[0]==42）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.]]
```