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
2. 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
3. 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。
4. 若cigar信息中存在I，D，则对base和base\_q做修正：
5. 对于M段，保持不变
6. 对于D段，base用“-”表示，base\_q为0
7. 对于I段，base用“\*”表示
8. 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
9. 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
10. 若p - start\_point < 0或 >base长度-1（该点未被read覆盖），则continue
11. 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
12. poi[1]根据base\_q[p]，和40取min后归一化到[0, 254]
13. poi[2]根据read\_q，和60取min后归一化到[0, 254]
14. poi[3]根据正负链信息，正链70，负链240
15. poi[4]根据read是否支持该alt，支持为254\*0.2取整，不支持为254
16. 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
17. 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]

1. 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]==”\*”）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. 0. 0. 2. 3.]

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

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

[[ 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.]]