Статистические графики являющиеся результатом анализа совмещенного набора данных. Часть данных получена на основе VCF файлов с генетическими вариантами в полученными на предыдущем шаге, остальная часть является числовыми характеристика из метаданных по инбредным линиям мышей полученными от Келли Харрис и Дэвида Эшбрука (Центр медицинских наук Университета Теннесси, США)

**Pair-plot** – парный график кросс-корреляции численных характеристик

**PCA-1** – результат анализа методом главных компонент (PCA) на основе численных характеристик

**PCA-2** – результат анализа методом главных компонент (PCA) на основе численных и закодированных категориальных характеристик

**Clustering1** – результат кластерного анализа количества замещений A>G против количества больших структурных вариантов в ядерном геноме

**Clustering2** – результат кластерного анализа количества замещений A>G против количества коротких делеций в ядерном геноме

**Clustering3** – результат кластерного анализа количества замещений C>T против количества больших структурных вариантов в ядерном геноме

**Clustering4** – результат кластерного анализа количества замещений C>T против количества коротких делеций вариантов в ядерном геноме