1. 去掉intronic，UTR，ncRNA\_intronic，ncRNA\_exonic，intergenic区域的突变信息，但是保留MET intronic13和intronic14的突变信息；TERT基因只展示这个两个位置信息即可1,295,228　C　＞　T　及　1,295,250　C　＞　T　（即　C228T　和　C250T）突变；
2. 只展示这些基因的突变信息ABL1 /AKT1 /ALK /APC /AR /ARAF /ATM /BRAF /CCND1 /CDH1 /CDK4 /CDK6 /CDKN1A /CDKN2A /CTNNB1 /DDR2 /EGFR /ERBB2 /ERBB3 /ERBB4 /ESR1 /FBXW7 /FGFR1 /FGFR2 /FGFR3 /FGFR4 /FLT3 /GNA11 /GNAQ /GNAS /HRAS /IDH1 /IDH2 /JAK1 /JAK2 /JAK3 /KDR /KIT /KRAS /MAP2K1 /MAP2K2 /MAPK1 /MET /MTOR /NF1 /NF2 /NRAS /NTRK1 /NTRK2 /NTRK3 /PDGFRA /PDGFRB /PIK3CA /POLE /PTCH1 /PTEN /RB1 /RET /ROS1 /SMAD4 /SMARCA4 /SMO /STAT3 /STK11 /TERT /TP53 /TSC1 /TSC2 /VHL /
3. 其中EGFR，BRAF，NRAS，KRAS，PIK3CA，ERBB2，MET，ALK，ROS1，RET，HRAS，KIT，PDGFRA，可以把过滤条件筛选到read>=2，其他基因可以把过滤条件筛选为read>=3；（这一条可以先不考虑）
4. “结果呈现中删除的位点” EXCEl表是基本每个样品都会出现的突变，可以将其不呈现出来，这个表可能会定期有补充。（目前还没有总结好呢，后续会通过商业样品进行汇总，定期补充）
5. 化疗数据库：1代表肿瘤；2代表肺癌；3代表结直肠癌；4代表乳腺癌/卵巢癌；5代表消化道肿瘤
6. 质控all文件：去重后的深度；质控标准（合格是YES，不合格是No；判断标准是组织>=500\*，血浆>=1500\*血浆先按照1500进行过滤）；
7. 数据：fusion和CNV分别合并到一个excel内；CNV只给出Bin\_count大于等于5以上的，参数在2.5以上。Fusion的给出断点的外显子或内含子号。