

*****输出结果目录结构：**按照输出结果的类型（图片）进行分类，即同一目录存储不同样本及样本分组（如果有分组）相同分析的结果；

*****关于按样本分组信息可视化结果说明：**按样本分组统计克隆型频数结果不建议使用，文章中克隆型频数通常是按样本进行统计（每个样本是一个独立的个体）；按样本分组统计克隆型频数结果本分析也有输出，但不建议使用，如果使用需要结合项目背景自行合理描述；

*****克隆型频数分组标准：**Single 代表单一克隆型；Medium 代表克隆型频数大于 1，小于等于 10；Large 代表克隆型出现频数大于 10；

01.sc.CloneBar：按照克隆型频数分组展示占比；

02.sc.Diversity：克隆型多态性分析，使用 Hill/ inverse Simpson/ Chao1/ d50 4 种方法计算样本克隆多样性，值越大表示样本的克隆多样性越高；

03.sc.Clustertree：通过克隆型使用情况的 cosine similarity 对样本进行层次聚类；

04.sc.HaveOrNot：按照克隆型频数分组统计样本中每个 cluster 不同克隆型占比；

05.sc.Otherinfo：按样本及样本分组输出克隆型的统计信息；