**\*\*\*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：**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；