

| Файл | Программа, использующая | Описание |
|-------------|---|--|
| fastq | itmo-assembler, mira-assembler bowtie, bowtie2, bwa, blast | Набор чтений с качеством |
| fasta | itmo-assembler, mira-assembler bowtie, bowtie2, bwa, blast quast myrast IGV | Набор нуклеотидных последовательностей без качества |
| sam | samtools | Информация о картировании чтений на референс (контиги) |
| bam | samtools IGV | То же, в бинарном виде |
| vcf | bcftools vcfutils annovar | Набор вариаций (где, что было, что стало) |
| bcf | bcftools | То же, в бинарном виде |
| gff3 | annovar | Аннотация регионов генома (номер хромосомы, позиция старта, позиция конца, описание) |