## 

## 叶酸分析技术文档

版本号：V2.0

发布时间：2016.07.28

目录

[1. 运行说明 3](#_Toc820977047)

[1.1输出 3](#_Toc1890955019)

[1.2输入 3](#_Toc1113589991)

[1.3运行 3](#_Toc1666535972)

[2. 技术路线 4](#_Toc414806556)

[2.1所用软件 4](#_Toc1942210091)

[2.2生成报告 4](#_Toc612725319)

[3.声明 5](#_Toc2137424631)

# 运行说明

## 1.1输出

输出文件名如下：

Folate\_site.xls —————— 输出文件为所得的不同位点的基因型

\*.tex————生成pdf报告的latex脚本。

## 1.2输入

1F————用引物1生成序列的abi文件所在的文件夹

2F————用引物2生成序列的abi文件所在的文件夹

5F————用引物5生成序列的abi文件所在的文件夹

## 1.3运行

在shell命令行运行命令：

perl Folate\_site.pl -i1 1F -i2 2F -i5 5F

perl generate\_reports.pl -i1 样本信息 -i2 Folate\_site.xls -o texdir

-i1：样本信息有系统提供下载

-i2：第一步程序生成的结果

-o：生成tex的文件夹

# 2. 技术路线

2.1所用软件。

（1）

|  |  |
| --- | --- |
| 软件 | R |
| 版本 | 3.1.1 |
| 用途 | R的模块应用及数据处理 |
| 特殊模块 | 1. .sangerseqR :识别峰图模块，输出第一高峰和第二高峰序列 2. .stringdist:字符串处理模块 |

（2）

|  |  |
| --- | --- |
| 软件 | perl |
| 版本 | v5.10.1 |
| 用途 | 流程编写及简单的程序衔接 |

（3）

|  |  |
| --- | --- |
| 软件 | blast |
| 用途 | 短序列精准比对，查找具体位点的碱基情况 |

## 2.2生成报告

|  |  |
| --- | --- |
| 软件 | latex |
| 命令行 | Xelatex \*.tex |
| 结果 | Pdf格式的报告 |

# 3.声明

本软件仅对单次样本进行解析，随着数据库的更新完善将解读更进一步的结果。