**计算方法原理**

样本经甲基化处理后甲基化位点基因型为C，未甲基化位点基因型为T。样本经snapshot方法延伸反应所得波峰高度为HC-S，HT-S。标准样本延伸反应所得波峰高度为HC，HT。CC为峰型为C的延伸产物的浓度，CT为峰型为T的延伸产物的浓度，基因型为C的PCR产物片段所占百分比为C%，基因型为T的PCR产物片段所占百分比为T %，在同一条件下，PCR模板浓度和PCR产物片段浓度正相关。因为波峰高度与该等位基因浓度正相关，即HC/ HT= k·CC/CT，k=HC·CT/ HT·CC（在同一位点的条件下， k为常数）。实验中做了11个标准品，其C%分别为10% 20% 30% 35% 40% 50% 60% 70% 75% 80% 90%，对标准样本进行延伸反应可以得到对应的11个峰高比值（HC/HT），以实验得到的标准样本的HC/HT为横坐标，其对应的CC/CT为纵坐标作图，可以得到一条相应的曲线和方程式（从理论上来说，得到的曲线和对应的方程式应该是线性的，但是实际作出的曲线更接近二元方程式及对应的曲线）及Y=k1X2+k2X。根据得到的每个位点的方程式Y=k1X2+k2X可以得到每个样本理论的C和T的浓度比（CC/CT），其中X=HC-S/ HT-S，Y= CC/CT。那么**C%= CC/(CC+CT）= (CC/CT) /( CC/CT +1)**