

Contents

压缩参考基因组	1
数据压缩命令	1
解压缩命令	1
dragen 可以直接读取 ora 文件	1
数据拆分直接生成压缩格式文件	1
生信软件兼容	1

压缩参考基因组

Illumina DRAGEN Systematic Noise Files:

https://sapac.support.illumina.com/sequencing/sequencing_software/dragen-bio-it-platform/product_files.html

数据压缩命令

```
dragen --ora-input ${1} --ora-input2 ${2} \  
      --output-directory ${3} \  
      --ora-reference ${4} \  
      --enable-ora true --enable-map-align false --ora-use-hw true  
针对于人的压缩比率在 1/5,针对于其他物种大概为 1/2
```

解压缩命令

```
dragen -1 ${1} \  
--output-directory ${2} \  
--ora-reference ${3} \  
--output-file-prefix ${4} \  
--interleaved --RGID RGID --RGSM ${4} \  
--enable-ora true --enable-map-align false --ora-decompress true
```

dragen 可以直接读取 **ora** 文件

```
dragen -r ${1} -1 ${2} -2 ${3} \  
--ora-reference ${4} --output-directory ${5} \  
--output-file-prefix ${6} --RGID RGID --RGSM RGSM \  
--enable-variant-caller true
```

数据拆分直接生成压缩格式文件

```
dragen --bcl-conversion-only true --bcl-input-directory ${1} \  
--output-directory ${2} --force --sample-sheet ${3} --ora-reference=${4} \  
--fastq-compression-format=dragen
```

生信软件兼容

软件	版本
BWA	0.7.15
FastQC	0.11.9