## 打开H5文件

单击菜单栏’Open H5 files’，在弹出的打开文件对话框中选择H5文件，H5文件中的所有数据保存在H5文件路径下，与H5文件名相同的文件夹中。Output information窗口显示操作信息和数据储存位置。

## 序列对比

选择Select function下拉菜单中选择Sequence comparison功能，点击Experimental Data 按键选择实验数据的序列文件，Table1显示文件内容，点击Control Data按键选择对比数据的序列文件，Table2显示文件内容，点击Execute执行序列对比。弹出Aligned Sequence窗口显示序列详细对比情况，Output information窗口显示序列对比的概要信息。

## IPD对比

选择Select function下拉菜单中选择IPD Comparison功能，点击Experimental Data 按键选择实验数据的序列文件，Table1显示文件内容，点击Control Data按键选择对比数据的序列文件，Table2显示文件内容，点击Execute执行IPD对比。

##### 输出信息(Output information)

显示序列总长度、ipd偏差为正的序列计数个数、实验数据与对照数据ipd进行T检验（单尾）。

##### 表格数据

Table3 显示碱基序列，Table4显示ipd的差值。Table3可以单击Save保存为excel文件、Table4可以单击Save保存为excel文件，也可以单击Polt绘制条形图。

##### 绘图信息

点击Table4的Plot绘制图像后，可以选择放大按键进行自由放大，若只进行x轴放大则右键选择 缩放选项-水平缩放。也可以选择平移按键进行自由平移，若只进行x轴平移则右键选择 平移选项-水平平移。若要知道碱基所在的位置，可以单击数据游标，点击碱基，获得选定位置。

##### 碱基筛选

单击碱基筛选单选按键，再单击Execute，可以比较特定碱基的ipd。

##### 阈值选择

设置Threshold数值，筛选ipd差值大于阈值的序列位置（只筛选差值为正的部分），Threshold数值默认为0

##### 拓宽选定碱基位置

设置Broaden数值，对比指定碱基向左向右Broaden数值宽度的ipd值，Broaden数值默认为0

## PW对比

参照IPD对比部分

## 功能总结

1.打开含有DNA序列以及其他信号数据的.H5文件

2.具有将H5文件中数据一键保存为.xls文件的功能

3.对比DNA序列差异性，并且可以筛选有差异数据的所在位置

4.对比DNA序列时可以自由选择所需要的碱基类型

5.查看实验数据与对照数据IPD值以及PW值的T检验结果

6.对比IPD值的差异性，计算差异位置的偏差大小

7.对比PW值的差异性，计算差异位置的偏差大小

8.筛选特定碱基进行IPD和PW值的对比

9.阈值控制筛选IPD与PW检测结果，拓宽设置选定碱基前后一段序列的IPD检测

10.将读入的数据进行表格化显示，方便对比

11.处理结果显示为表格，并显示主要信息，处理结果可保存

12.可以将结果绘制成条形图，可设置条形图的缩放、平移方向