PaiRT: Accuarate Identification Pipeline use for Real Time PCR

Doan Vu Thinh

Faculty of Information Technology, Nha Trang University

*thinhdv@ntu.edu.vn*

**TÓM TẮT**— Bài báo này trình bày những cách thức cần phải chuẩn bị cho khuôn dạng của một bài báo để được in ấn trong Kỷ yếu Hội nghị quốc gia về Nghiên cứu cơ bản và ứng dụng Công nghệ thông tin (Fundamental and Applied Information Technology Research - FAIR). File được dùng như một khuôn mẫn (template) của Micrsosoft Word 6.0 hoặc mới hơn. Toàn bộ phần Tóm tắt được viết với font chữ Times New Roman, 9 pt. italic và bold cho cụm từ Tóm tắt

**Từ khóa**— Bao gồm khoảng 4 từ khóa hoặc cụm từ để qua đó người đọc có thể biết được hướng nghiên cứu của bài báo này. Các từ khóa hoặc cụm từ cách nhau bởi dấu phẩy.

# INTRODUCTION

Next-generation sequencing (NGS) has transformed the field of genetics into genomics by providing DNA sequence data at an ever increasing rate and reduced cost (Mardis, 2008). Three platforms for massively parallel DNA sequencing read production are in reasonably widespread use at present: the Roche/454 (http://www.454.com), the Illumina/Solexa (http://www.illumina.com), and SOLiDTM System (http://marketing.appliedbiosystems.com), Over 500 thousands reads for each forward and reverse sequence files, need to have pipeline to process huge data and to take full advantage of high performance PC. Here, the pipeline PairT is introduced as a tool for accurate identification help for Real Time PCR genomic data; PairT is a wrapper script designed to take raw data, taking full advantage of both paired-end reads. As input, PairT takes paired FASTQ files for individuals and outputs as well as filtered SNP calls in VCF

format. The pipeline and a comprehensive online manual can be found at (http://dDocent.

wordpress.com). Finally, results of pipeline analyses, using both dDocent and Stacks, of

populations of three species of marine fishes are provided to demonstrate the utility of

dDocent compared to Stacks, the first and most comprehensive, existing software package

for RAD population genomics.

Next-generation sequencing (NGS) has transformed the field of genetics into genomics by providing DNA sequence data at an ever increasing rate and reduced cost (Mardis, 2008). The nascent field of population genomics relies on NGS coupled with laboratory methods to reproducibly reduce genome complexity to a few thousand loci..

# KÍCH THƯỚC

## Khoảng cách

### Khoảng cách lề

#### Khổ giấy

Khổ giấy của Kỷ yếu là 20,5 x 29,5 cm; những thông số khác như sau:

* Paper: 20,5 x 29,5 cm
* Header: 1,4 cm, Footer: 1cm
* Đánh dấu **Odd and even và First page** để đặt Tên bài, Tác giả, Hội nghị, Số trang trên Header.

#### Khoảng cách lề

Khoảng cách từ lề trên 2,2cm; lề dưới, lề trái, lề phải là 1,8cm; gutter là 0cm

### Header và Footer

Phần Header có phân biệt trang đầu với các trang còn lại, trang chẵn và trang lẽ; phần Footer giống nhau (Như Template file này)

## Kích thước khác

### Phần tiêu đề

Tên bài báo dùng chữ in hoa như Template file này (Font chữ Arial 14pt, in đậm)

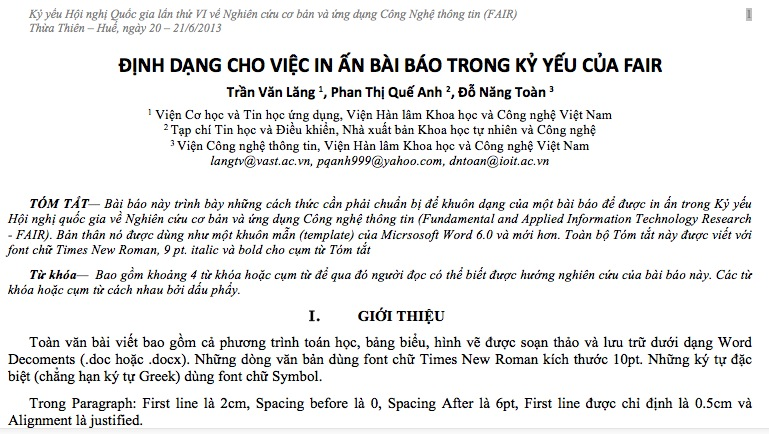
### Tác giả

Tên tác giả bao gồm cả cơ quan, địa chỉ email như Template file này

# THÔNG TIN KHÁC

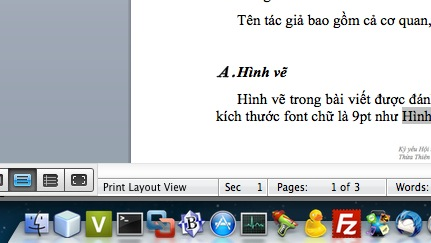
## Hình vẽ

Hình vẽ trong bài viết được đánh số bắt đầu từ 1, được canh lề Justified, lời chú thích được viết dưới hình vẽ với kích thước font chữ là 9pt như Hình 1.



1. Đây là hình về bài báo FAIR

Các hình vẽ tiếp theo được đánh số như Hình 2.



1. Đây là một hình khác

## Bảng biểu

Bảng biểu cũng tương tự như hình vẽ; tuy nhiên dòng chú thích được viết ở phía trên như Bảng 1.

1. Bảng biểu hướng dẫn

|  |  |
| --- | --- |
| Font chữ toàn văn | Times New Roman |
| Kích thước toàn văn | 10pt |
| Kích thước tiêu đề | 14pt |

# LỜI CẢM ƠN (NẾU CÓ)

# TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Mardis ER. 2008. Next-generation DNA sequencing methods. Annual Review of Genomics and Human Genetics 9:387–402 DOI 10.1146/annurev.genom.9.081307.164359.
2. Author1\_Name, Author2\_Name, Web Caching and Replication, Addison-Wesley(Publication\_ Name), USA, 2014
3. Author1\_Name, Author2\_Name, “Exploring the bounds of Web latency reduction from caching and prefetching”, In Proceeding(s) of the AICIT Symposium(Conference) on Internet Technologies, pp.13-22, 2019.

FORMAT FOR PREPARATION OF PAPER FOR PUBLICATION IN THE PROCEEDING’S FAIR

Tran Van Lang, Phan Thi Que Anh, Do Nang Toan

**ABSTRACT**— Inthis paper, we describe the submission guidelines for preparing papers for the Proceeding of national Conference on Fundamental and Applied Infromation Technology Research (FAIR). Use this document as a template with Microsoft Word 6.0 or later. Define all symbols used in the abstract. Do not cite references in the abstract. The abstract body is typed in Times New Roman, 9 pt. italic and in bold face.