# 安装说明文档

## 关联软件列表

以下是ChIP-seq流程运行过程中所需的第三方软件列表。

**表1-1 ChIP-seq流程关联软件**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 软件名称 | 版本号 | 下载地址 | 有无修改 |
| MACS | v1.4.2 | http://liulab.dfci.harvard.edu/MACS/ | 无 |
| Samtools | v1.2 | http://www.htslib.org/ | 无 |
| Bedtools | v2.16.1 | http://bedtools.readthedocs.io/en/latest/ | 无 |
| Perl | v5.24.0 | http://www.cpan.org/src/5.0/perl-5.24.0.tar.gz | 无 |
| Python | v2.7.11 | https://www.python.org/downloads/release/python-2711/ | 无 |
| Rscript | v3.2.3 | https://cran.r-project.org/src/base/R-3/R-3.2.3.tar.gz | 无 |

**注：**若有修改软件，需在“有无修改”栏中注明修改行号与修改原因，并在源码包中提供修改后的源码

## 软件依赖包列表

以下是**ChIP-seq**流程运行过程中，第三方软件需要安装的依赖包列表。

**表2-1ChIP-seq流程软件依赖包**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 软件名称 | 版本号 | 下载地址 |
| python: pysam | v0.10.0 | https://github.com/pysam-developers/pysam |
| R: DiffBind | v2.4.6 | http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/src/contrib/DiffBind\_2.4.6.tar.gz |

## 注：若无依赖包，请填写“当前流程无额外软件依赖包”

## 注释数据库文件列表

以下是ChIP-seq流程运行过程中所需的数据库文件列表。

**表3-1 ChIP-seq流程注释数据库文件**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 数据库文件 | 下载地址 | 内容 |
| gene2go | ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/gene/DATA/ | gene对应的go信息 |
| gene\_info | ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/gene/DATA/ | 每个gene的功能描述信息 |
| gene2refseq | ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/gene/DATA/ | gene对应的转录本信息 |

## 注：若数据库文件列表，请填写“当前流程无额外数据库文件”

部分数据库文件安装说明如下：

## 软件安装说明

以下是ChIP-seq流程的安装说明。

1. 要求安装关联软件列表中对应软件、软件依赖包列表中对应依赖包，确保注释数据库文件列表中的文件存在；
2. 在服务器上打开R软件
3. 尝试http:// 或https://
4. 输入source("https://bioconductor.org/biocLite.R")
5. 输入biocLite("DiffBind")