1. **git for windows**

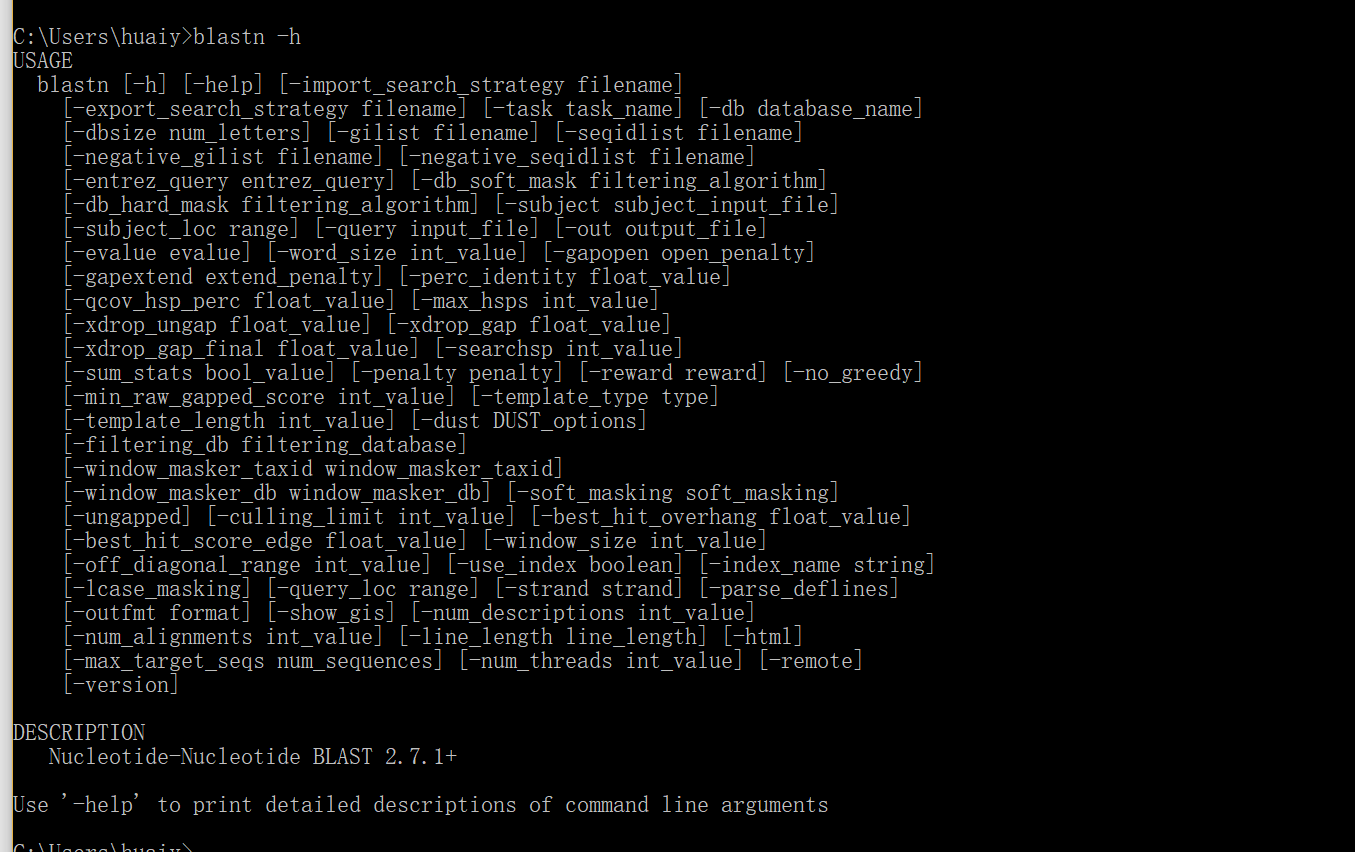
下载地址：<https://gitforwindows.org/>

全部默认安装。

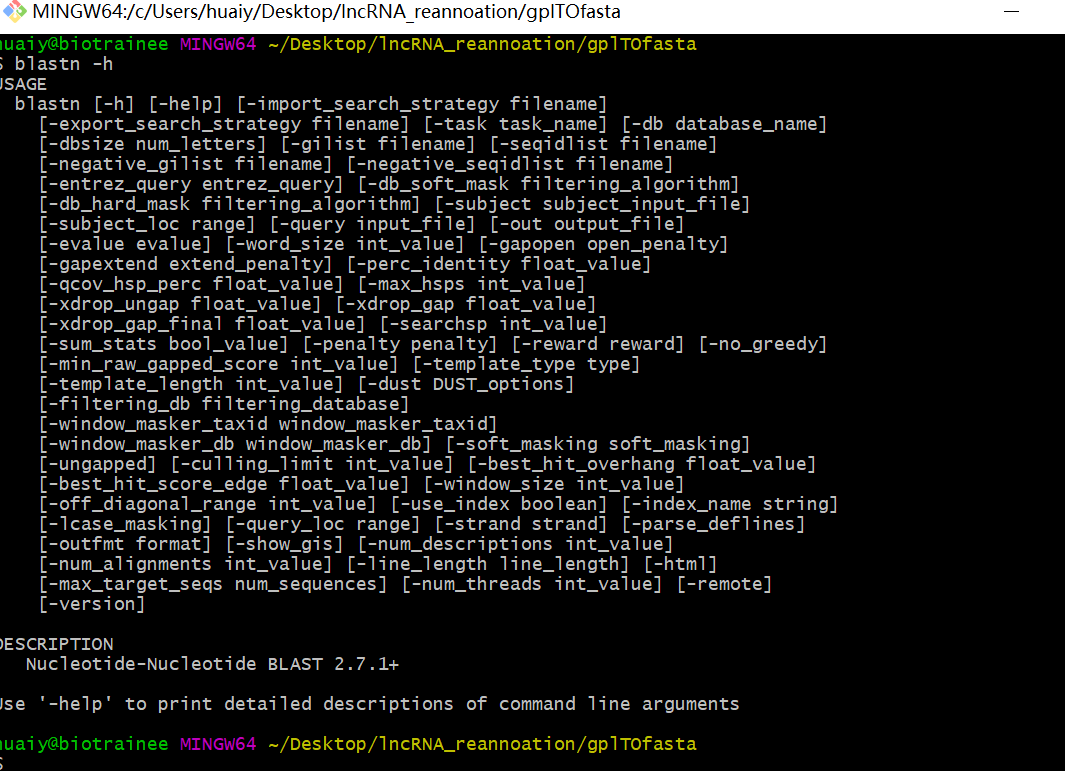
1. **NCBI Blast+软件安装。**

<ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/blast/executables/blast+/LATEST/>

下载对应系统的安装包。ncbi-blast-2.7.1+-win64.exe Windows系统默认安装后，在CMD界面输入 blastn -h 会看到如下界面



Git界面一样。



1. **Seqmap**

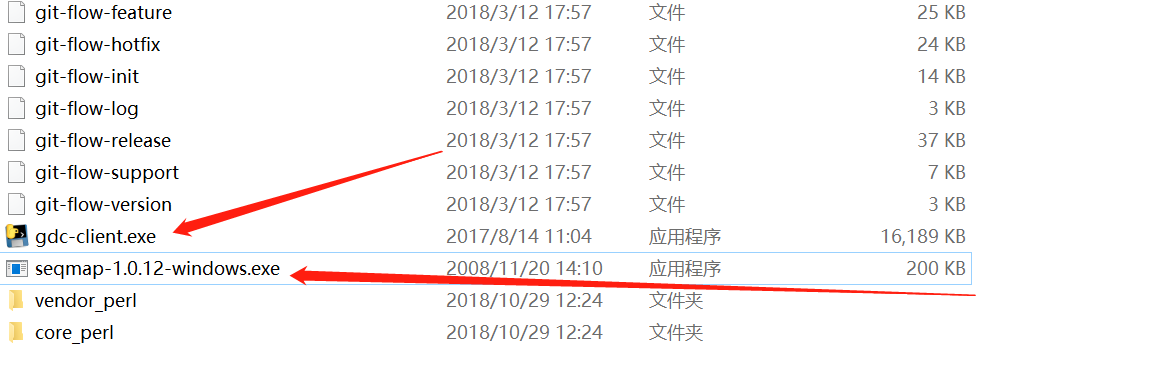
下载地址 <http://www-personal.umich.edu/~jianghui/seqmap/>



**Windows系统**

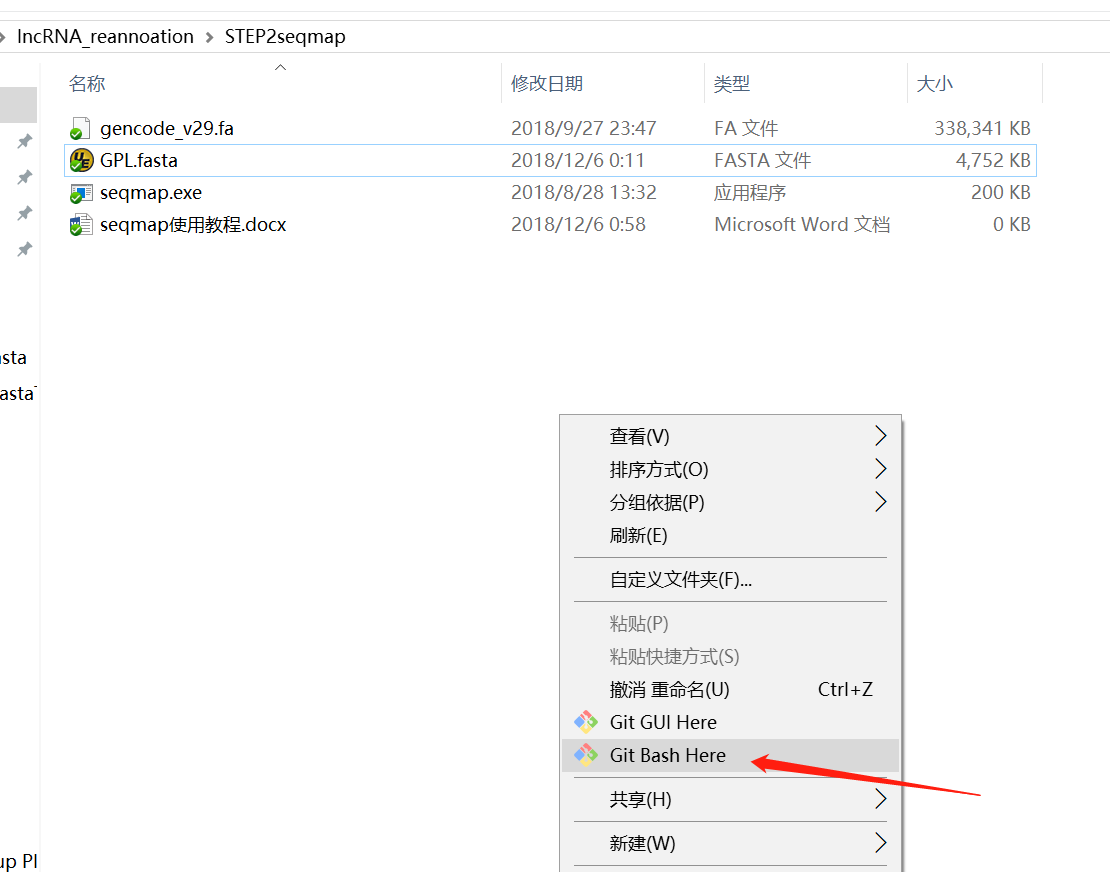
下载对应系统的软件，前面已经安装完git for windows

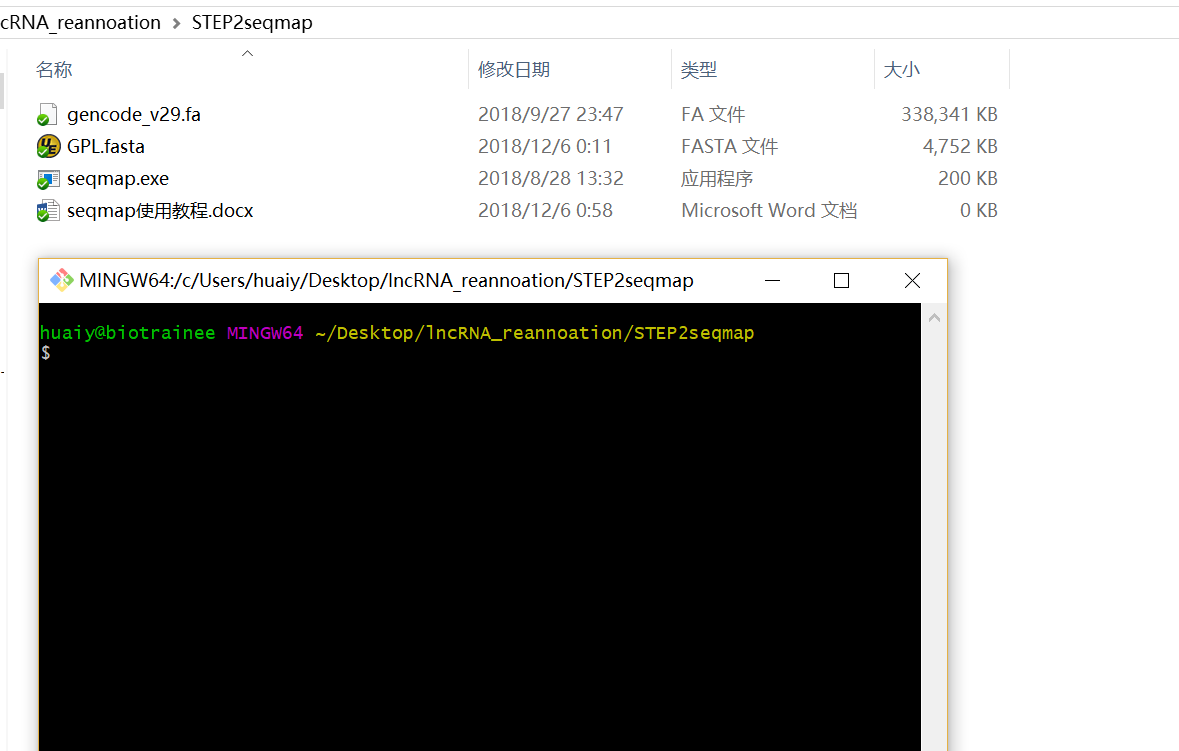
把下载后的seqmap.exe文件复制到 C:\Program Files\Git\usr\bin



这个是二进制文件，这样可以在git直接中运行，下载TCGA的gdc-client.exe的文件同样可以放在git的bin目录下运行。

打开git bash





我们可以看到目录下有gencode\_v29文件，以及前一步获得gpl.fasta文件。

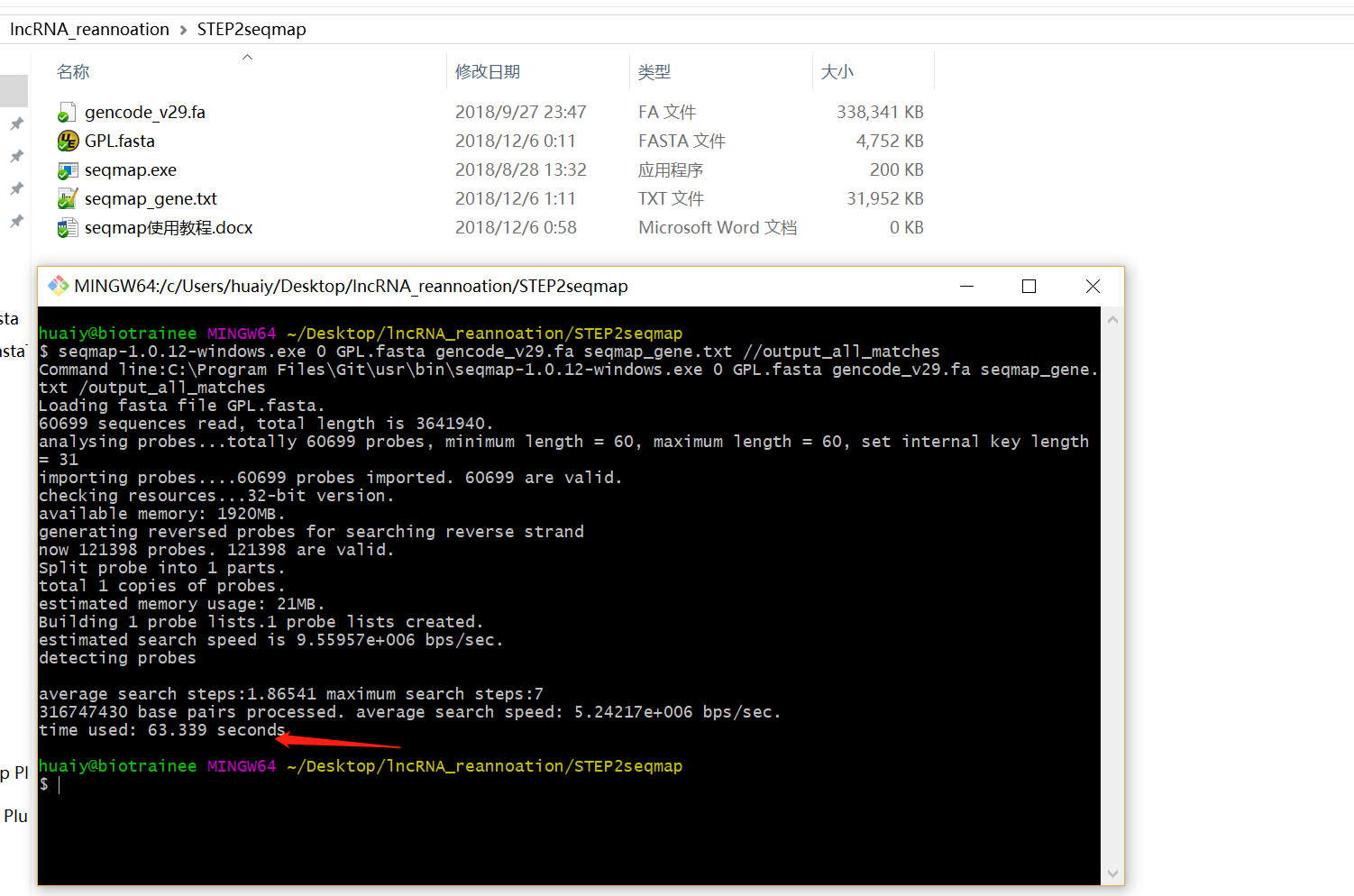
在git bash中输入命令

seqmap-1.0.12-windows.exe 0 GPL.fasta gencode\_v29.fa seqmap\_gene.txt //output\_all\_matches

0代表匹配探针错误个数0，GPL.fasta 需要比对的探针序列 Genecode\_V29.fa 转录本文件，seqmap\_gene.txt 输出文件 //为输出全部匹配信息。顺序不可错误。

注意：在git bash中//代表/。

seqmap <num\_mismatch> <probe\_file> <trans\_file> <output\_file> /[options]

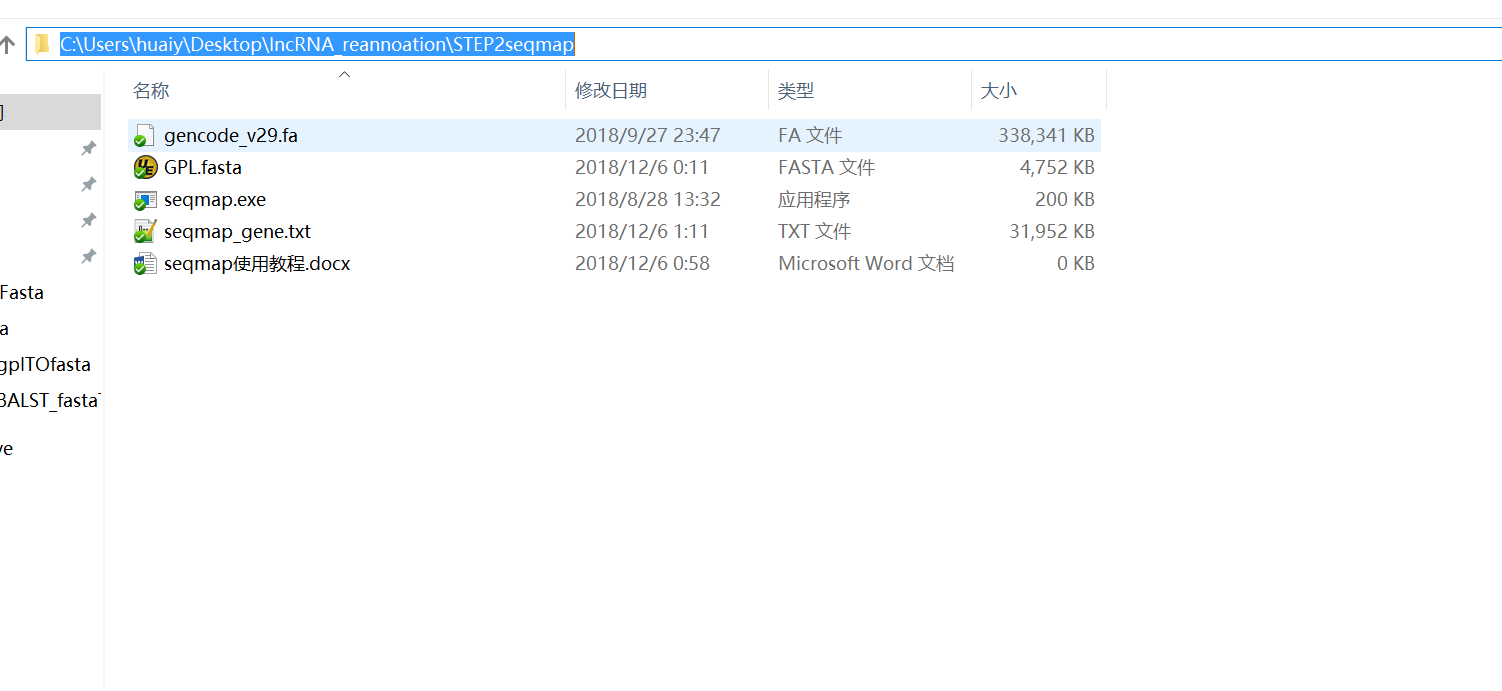


同样也可以在windows CMD中运行，

需要把seqmap.exe放在gpl等文件一个目录下。然后输入cmd



复制地址



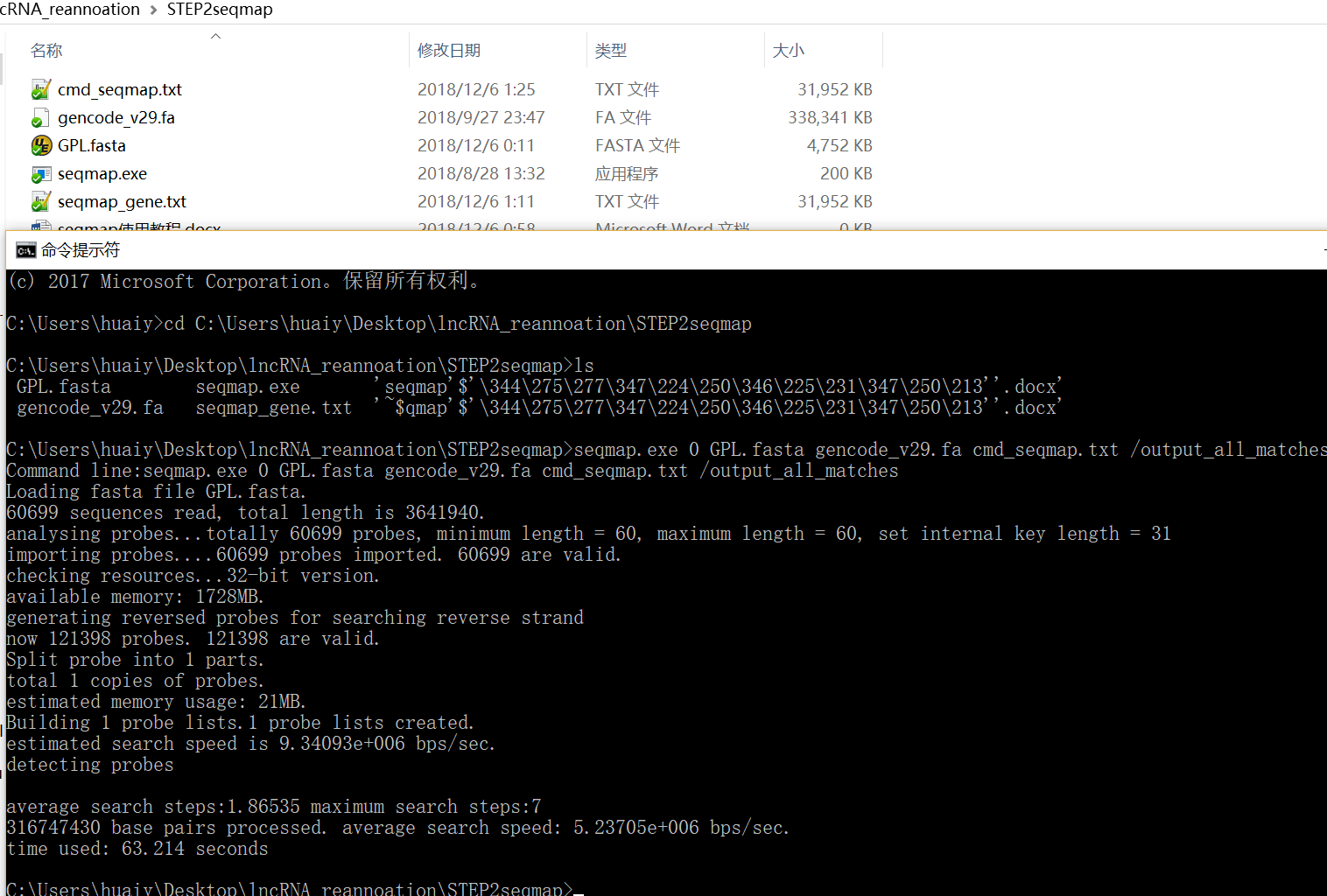
切换到工作目录下。

cd C:\Users\huaiy\Desktop\lncRNA\_reannoation\STEP2seqmap



seqmap.exe 0 GPL.fasta gencode\_v29.fa cmd\_seqmap.txt /output\_all\_matches

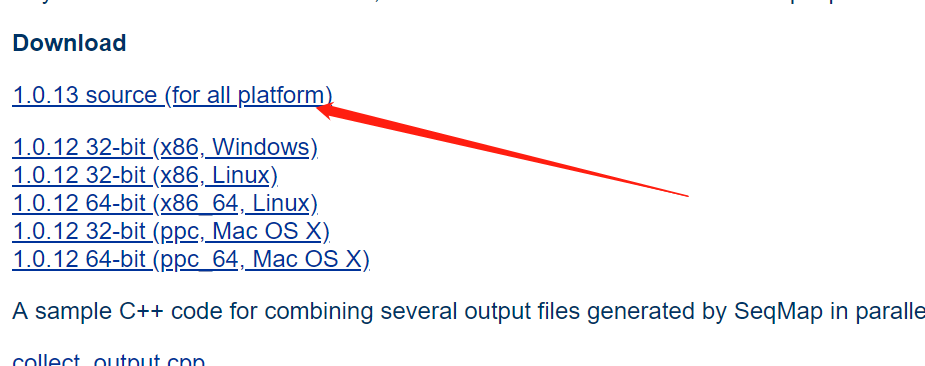
注意代码：这里/就一个/，非git bash两个/。



更多参数设置，请阅读

<http://www-personal.umich.edu/~jianghui/seqmap/Docs.txt>

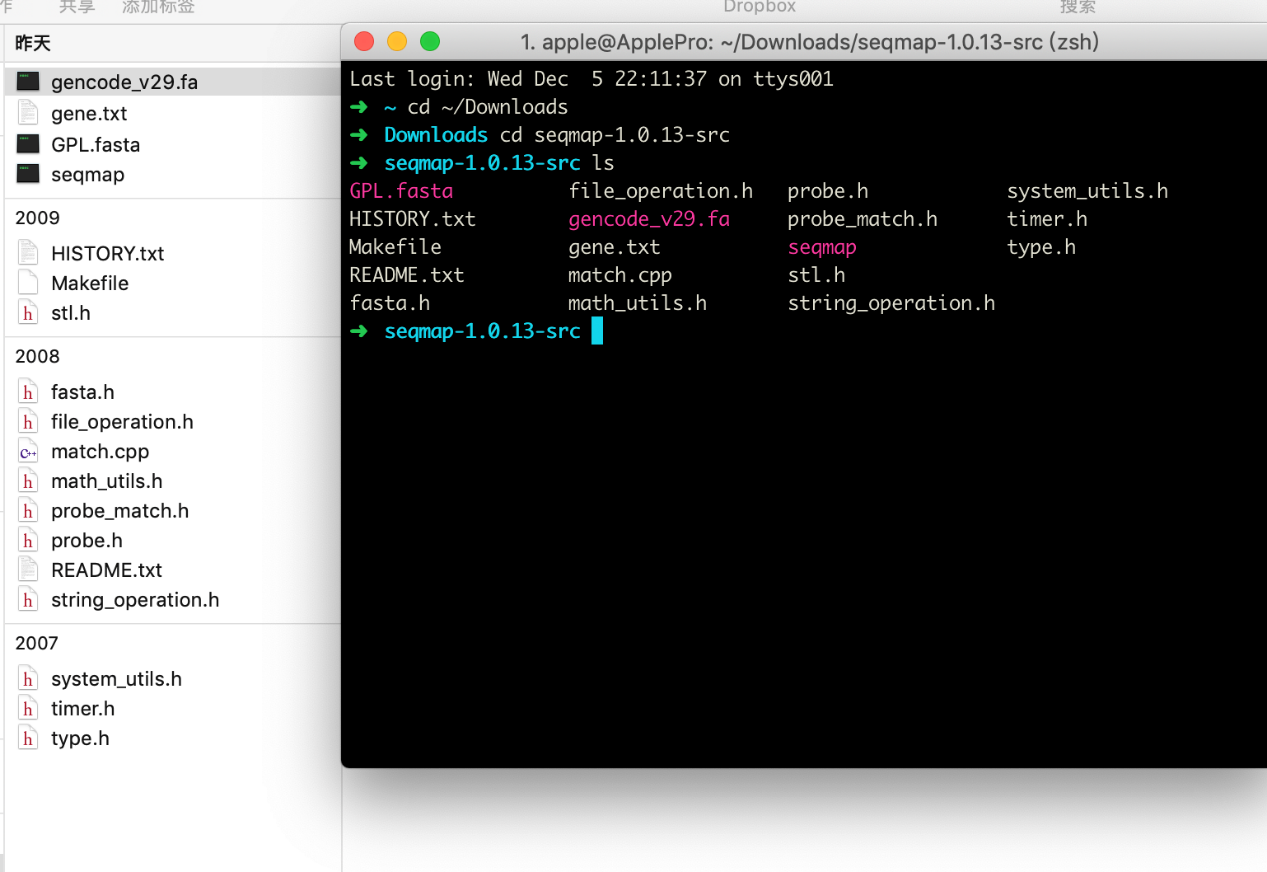
**mac linux系统使用，请下载全平台**



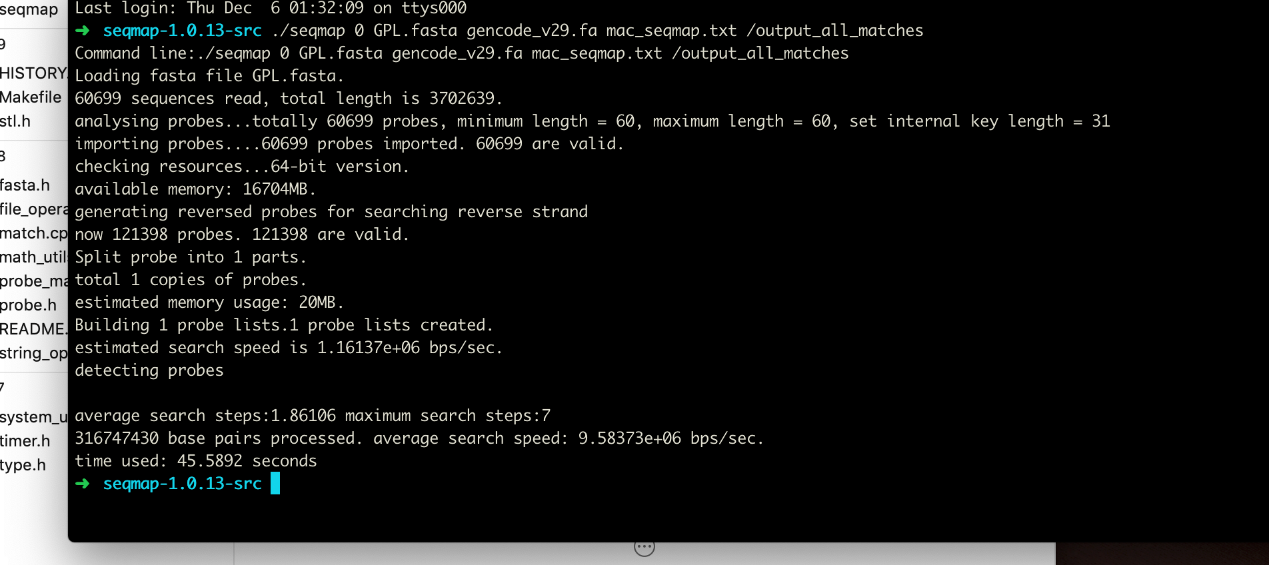
官网有详细的教程使用教程

<http://www-personal.umich.edu/~jianghui/seqmap/FAQ.html>

切换到下载目录，解压文件。需要把gpl.fasta文件，以及genecode.fa复制到本目录。



**./seqmap 0 GPL.fasta gencode\_v29.fa mac\_seqmap.txt /output\_all\_matches**



Linux系统也是如此。

**最后blast结果和seqmap结果，两者结果基本一致，存在极小部分差异。**

