# SSR 软件系统 应用培训

北京华生恒业科技有限公司

#### 目录

		系统设计	1
	1.	依据的标准	1
	2.	系统组成	1
	3.	系统架构	1
	4.	系统流程	2
	5.	系统功能范围	.2
<u> </u>		数据标准	3
	1.	实验与人员安排	.3
	2.	实验数据标准化方法	.3
	3.	指纹库等级	.3
	4.	用户级别	.4
	5.	指纹权限	.4
Ξ		实验设计	5
	1.	实验设计原则前提	5
	2.	实验设计原则	.5
	3.	种属	.5
	4.	引物与荧光	6
	5.	引物涉及概念	6
	6.	引物组	6
	7.	Panel 条码命名	7
	8.	在线 Panel 管理	7
	9.	样品条码	7
	10.	样品条码使用	.8
	11.	DNA 条码	9
	12.	上桂桁	9
	13.	上口 K	0
	14	自泳配置文件 1	0
Л	1 1.	为此 <u>中</u> 之口	1
F	1	数据入时	1
	2	发动入户	1
	3.	混合样与个体样的筧法兼容 1	2
	4	指纹合并算法 1	2
	5	提高指纹质量的诠径	3
	6.	指纹宙核级别 1	3
	0 <b>.</b> 7	指纹化对 1	3
	8	检验结果库 1	3
	9	检验结果报告打印 1	4
	10	指纹数据误差 1	Δ
	11.	误差对入库的影响1	5
	12	消除误差数据1	5
	13	数据共享机制 1	5
Ŧ	10.	系统说明 1	6
<u></u>	1	下裁路径设置 1	6
	<b>1</b> •		J

	2.	登录	录18
	3.	注筆	肖
六		系约	充功能
	1.	引生	勿
		1.1	位点组合查询19
		1.2	引物查询21
		1.3	荧光查询23
		1.4	新建引物组25
		1.5	引物模板25
		1.6	导入引物25
		1.7	导出引物
		1.8	荧光模板
		1.9	导入荧光
		1.10	导出荧光
	2.	样品	<sup>1</sup> / <sub>1</sub>
		2.1	样品查询27
		2.2	同物异名查询
		2.3	添加同物异名32
		2.4	添加样品
		2.5	Excel 模板
		2.6	导入样品
		2.7	导出样品
	3.	实验	<u> </u>
		3.1	DNA 提取
		3.2	PCR 扩增
		3.3	电泳检测
		3.4	实验审核
		3.5	实验指纹45
		3.6	上样板查询
		3.7	指纹分析器
		3.8	Panel 设计
		3.9	原始库查询
		3.10	实验位点统计
		3.11	配置 FSA 目录
		3.12	Excel 模板
		3.13	导入 DNA 对照表
		3.14	实验指纹功能
	4.	指约	文
		4.1	样品审核
		4.2	<b>梓</b> 品指纹
		4.3	样品位点统计
	_	4.4	样品指纹功能60
	5.	本地	也库
		5.1	本地库查询61

	5.2	本地库指纹功能61
6.	比对	
	6.1	全库比对62
	6.2	疑似比对
	6.3	同名比对
	6.4	范围内比对67
	6.5	自定义比对
	6.6	比对结果库
7.	鉴定	
	7.1	亲子鉴定
	7.2	样本寻亲

#### 一 系统设计

#### 1. 依据的标准

本软件系统主要针对植物的二倍体 DNA 的指纹数据分析,依据如下行业标准技术文件进行开发:

- ▶ <u>《植物品种鉴定 DNA 指纹方法总则》</u>
- ▶ <u>《玉米品种真实性鉴定 SSR 标记法》</u>

指纹分析器兼容的仪器: ABI DNA 分析仪 本系统主要针对玉米建库及真实性检测业务进行构建,兼容一致性和纯度 检测的指纹数据

# 2. 系统组成



#### 3. 系统架构

SSR 指纹分析器:

包含各类针对植物指纹数据分析进行定制的算法,可用于快速指 纹分析和自动化数据上传入库。

SSR 数据库管理系统:

存储指纹数据,并提供基于指纹数据的统计、比对、合并算法, 能够对指纹数据进行检索查询,提供真实性检测和建库的全部功 能。

二者的联系:

▶ SSR 指纹分析器作为初始数据处理工具,其分析的指纹数据质

量将影响 SSR 数据库管理系统的运算质量,因为其数据分析 的越准确将使得数据后期差异性越小,由此会降低比对时的差 异位点数,提高审核数据的合格位点数。

SSR 指纹分析器必需从 SSR 数据库管理系统才能打开,并且 通过 SSR 数据库管理系统进行客户端管理,二者已在内部完 全进行了深度整合。

#### 4. 系统流程



#### 5. 系统功能范围

系统总体功能:

- ▶ 实验信息数据处理
- ▶ 指纹数据分析处理
- 目标:

这两部分分别对应一个完整实验的前后期两个阶段:<u>实验阶段</u>和<u>数</u> <u>据分析阶段</u>,为实验员提供全面的数据分析辅助功能,简化数据分 析难度,提高数据分析质量,为大批量指纹数据分析提供基础。 核心业务功能:

- ▶ 指纹数据入库
- ▶ 指纹数据合并
- ▶ 指纹数据比对

目标:

这三部分功能提供自动化指纹入库、自动合并和快速比对功能,用 于替代以往人工录入数据入库、人工对照数据合并及比对的方式, 辅以人工对算法无法判定的少量数据进行修正即可达到快速处理 指纹数据的目标。

#### 二 数据标准

#### 1. 实验与人员安排

实验复杂度:

与样品规模及检测任务相关,越复杂的检测业务越需要进行多组实 验保证结果准确性。

- 实验员分级:
  - ▶ 实验往往是由多人共同完成,对于其中的平行实验的负责人,往往 设置如下两个级别:

**样品负责人**:负责样品信息导入,最终指纹数据结果审核及 比对结果出具

<u>实验负责人</u>:负责实验操作过程、数据分析与入库

- 并品负责人也可以同时负责一组实验,即既是样品负责人又是实验负责人
- 通常对于一个样品有且只有一个样品负责人,可以有多个实验员 负责实验

#### 2. 实验数据标准化方法

需要标准化的实验数据:

- ▶ 样品种属
- ▶ 样品条码
- ▶ DNA 条码号
- ▶ 上样板条码号
- ▶ 电泳板条码号
- ➤ Panel 条码号
- ▶ 指纹数据
- ▶ 指纹图谱

#### 3. 指纹库等级

原始库:

存储用户从 SSR 指纹分析器上传的指纹数据,这些数据的原始状态将被记录用于追溯和数据还原。

实验员库:

用户上传的数据经过整合形成的指纹数据,以及用户审核的指纹数据。

本地库:

实验室里共享的库,指纹在该库中将允许被全实验室各实验员和样

品负责人使用,比如比对及出检验结果等。

历史库:

用于记录已删除的本地库指纹数据,因为本地库数据变更将涉及已 出具的报告的问题,可以有效追溯数据变动。

#### 4. 用户级别

实验负责人

- ▶ 负责指纹数据生成。
- ▶ 完成 DNA 提取、PCR 扩增、电泳及数据分析上传、统计补板与审核。
- 样品负责人
  - ▶ 负责检测结果出具。
  - ▶ 完成多用户指纹数据整合、通过比对分析出具检验结果。
- SSR 管理员:
  - ▶ 负责核心基础数据管理。
  - ➢ 预设系统的初始引物信息、Panel 信息及其它基础数据。
- 系统管理员
  - ▶ 负责基础系统运行管理。
  - ▶ 基础参数配置、用户管理及其它参数,不参与系统实验业务。

#### 5. 指纹权限

采用"对指纹负责"和"对样品负责"的思想

采用如下规则来限定指纹数据的查询和操作权限:

- ▶ 规则一:实验员可以查询、操作自己上传的指纹数据。
- ▶ 规则二:样品负责人可以查询、操作其负责样品的所有指纹数据。
- ▶ 规则三: SSR 高级权限管理员可以变更样品负责人。
- 以上三条规则的作用如下:
  - ▶ 规则一确定了用户对私有库的权限,同时也是要求用户对私有库指 纹数据的准确性负责。
  - 规则二确定了多组平行实验等情况下样品负责人对指纹的权限,这 是要求样品负责人对其负责样品的指纹审核结果负责。而且样品负 责人要对这份样品的指纹结果负责到底,也就是说,即使已经审核 入库,一旦又有其他检验员检测了这份样品,仍由该样品负责人继 续审核或订正该样品的数据。
  - 规则三确保在特殊情况下对样品负责人进行变更,对样品负责人的 变动将进行记录,以保证可追溯性。

#### 三 实验设计

#### 1. 实验设计原则前提

指纹数据的完整性和准确性是通过实验进行保证的 指纹数据合并是基于这样一个设想来实现的:不同实验员的多次并行实验 最终会得到一个可靠的指纹数据 实验设计原则:

- ▶ 必须使用本系统生成的上样板和电泳板条码号(即电泳板带"--"标识),如: MRJ14P00001--MQ1-0311,否则会产生查看指纹时是按电泳板分组显示的,不便于指纹显示查看。
- ▶ 同一块电泳板上拼成的多个 Panel 组在使用 SSR 指纹分析工具分析 前必须拆分成多块电泳板进行分析。

#### 2. 实验设计原则

实验设计原则:

- 不允许多个人在同一块电泳板上进行拼板,因为这与我们的设想不一致,从而可能会使指纹合并的数据结果不能达到要求。但允许一个人在一块电泳板上放置多组 Panel 的重复,通常会按8、12或24孔为一组进行重复。
- ▶ 上样板生成的多块电泳板不能修改,这些电泳板上的相同孔位内放置样品 DNA 必须相同,否则会产生数据错误,因为多块电泳板数据上传时会自动对相同上样板条码的电泳板数据按孔位进行合并。

#### 3. 种属

即植物物种

SSR 系统定义了植物物种代码,用于兼容多物种参数,如

- ▶ 玉米 M
- ▶ 水稻 R

SSR 系统通过物种代码绑定各类数据,如样品、DNA、指纹、引物、Panel SSR 系统提供流畅的物种切换

◎ 祥品 •	▲ 实验 ★ 指纹 物种分类	₹▼ ◆比対▼ 置え	本地库 ▼	×	
注意:请在"文件下载"栏中下载最新版本				Ê	5
圓 统计信息	样品种属	玉米	▼_	¢:	戈
我负责的样品				v	1.1.6
我提取的DNA			保存	关闭	Мас版
我的实验指纹			〔1696个〕	H BROAD ASTR	Windo

#### 4. 引物与荧光

引物(引物名):

玉米检测标准《玉米品种真实性鉴定 SSR 标记法》提供了玉米 DNA 引物序列的详细信息,其它种属则会由相关行标进行提供。

荧光(引物合成编号):

根据引物序列信息可由相关生物试剂厂商进行荧光试剂的合成。 软件应用:

- ▶ 软件系统通过引物信息来标识指纹数据位点。
- 荧光与引物以1对N进行映射,SSR指纹分析器使用荧光信息进行标识数据,而提交入库后将通过软件内设置的映射关系来将其与引物信息联系起来。
- ▶ 数据库间交换数据是通过引物进行匹配的。

#### 5. 引物涉及概念

引物名

引物的名称,用于标识引物序列,该名称是引物的学术定义名,在 所有数据库中均一致,可以用来进行数据迁移匹配。

- 引物编号
  - ▶ 主要作用是用于引物的页面显示排序,这个编号主要用在软件系统中。
  - ▶ 代码+两位或三位序号,如:P01,P02。建议为了保证多物种、多数 据库的数据管理不要出现混乱,由系统再自动生成一个引物序号, 这个序号其实是根据"物种+引物名称"判断出来的引物的唯一编 号,编号原则:物种代号+五位流水号。此编号将不在系统界面中 进行显示。
- 引物合成编号 (荧光编号)
  - 不同实验室在每次合成引物时的编号,如 M52。这样,一个引物编号可对应多个引物合成编号,但一个引物合成编号只能对应一个引物编号。相同引物序列但标记不同荧光的,应给予不同的引物合成编号。
  - ▶ 目前建议该编号设置成与引物编号一致。即一个引物编号或一个引物合成编号可对应多个引物名称,但一个引物名称只能对应一个引物编号或一个引物合成编号。

#### 6. 引物组

概念:包含一组特定引物信息的列表

- ▶ 对于指定种属可配置多组默认的引物组,每个实验员也可自行设定 引物组。
- ▶ 用于显示和出具报告中,其中引物名与引物编号一一对应。
- ▶ 根据不同业务类型设置不同引物组,如纯度、真实性、类群划分等 的引物组。

用于 SSR Analyser 软件进行指纹数据分析

- ▶ 系统默认引物组:由 SSR 管理员预设。
- ▶ 自定义引物组:由检验员可自行设定,基于默认引物组进行构建。

#### 7. Panel 条码命名

Panel 作用

电泳中孔内放的多个荧光引物。

- Panel 内引物组合原则
  - ▶ 相同颜色荧光引物区间不能交叉。
  - ▶ 不同颜色荧光引物即不冲突。

系统默认 Panel: 由 SSR 管理员进行条码号命名

- ▶ 命名方式为:物种代码+组名+\_+版本号,如玉米的 MQ1\_1.8、MQ2 1.8、MO3 1.8、MO4 1.8,其中 M 为玉米物种代码。
- ▶ 通过 SSR 分析器进行创建和编辑。
- 自定义 Panel: 由系统自动生成条码号
  - ▶ 命名方式为:物种代码+用户姓名首字母+两位年份+3 位流水号+\_+ 版本号,举例: MGJR14001\_1.0。
    - ▶ 通过 SSR 系统进行创建和编辑。

#### 8. 在线 Panel 管理

为保证全实验室各数据分析人员使用 Panel 的统一性, SSR 系统提供了在 线 Panel 管理功能:

- ▶ 通过 SSR 分析器创建默认 Panel 后由 SSR 管理员导入到 SSR 系统 中
- ▶ 各实验员在设计电泳板之前通过 SSR 系统在线创建自定义 Panel
- ▶ 开启在线 Panel 同步后即可在打开 SSR 分析器时自动从 SSR 系统 中加载当前用户的已同步 Panel 及默认 Panel
- ▶ 同步到 SSR 分析器的 Panel 将自动按默认和自定义类型放到 Panel 编辑器对应目录下以方便使用

I Panel列表							
序号	Panel名称	•	引物合成编号		个数 🗍	版本号	\$
1	MYY14001_1.0 自定义		P01,P02,P28P		3	1.0	

#### 9. 样品条码

样品条码用于标识每一次客户(农业部、社会、内部)的送样样品 编码方式有两种:

▶ 自行编号,只需保证条码不重复即可,但建议格式如:前缀+5 位 流水号,示例如: BJY00001。 ▶ 由系统生成编号。

标准化分样:

▶ 使用条码机生成一号多联条码标签订到送样袋,之后分样时再将送 样袋上的条码标签贴到分样袋上,再分发给实验员进行实验。

▶ 可减少人工出错,并对原始样品袋等进行关联追溯。

样品信息

▶ 样品类型: 自交系/杂交种

▶ 样品种属: 植物物种类型

# 10.样品条码使用





使用条码机,打印出三联的样品条码单子,都贴于送检样品的袋子上,取 下一联或两联贴到分样袋上用于取样检验,原始送样袋上剩余一联做为留样备份 或者其中一联入标准库。

#### 11.DNA 条码

实验员提取的 DNA 唯一标识码

DNA 条码与样品条码之间存在多对一的关系

DNA 提取方式:

混株提取和单株提取两种方式,这与建库方式及检测目标有关,真 实性检测通常采用混株提取,纯度和一致性检测采用单株提取检 测。

- DNA 条码编号规则:
  - ▶ 混株: 种属代码+用户代码+两位年份+5 位流水号,示例如: MRJ1400001。
  - ▶ 单株: 种属代码+用户代码+两位年份+5 位流水号+-+3 位流水,示 例如: MRJ1400001-001,其中 MRJ1400001 表示 単株分组号,001 表示 単株流水号。

#### 12.上样板

上样板定义了样品的电泳板上样顺序,一块上样板对应多块电泳板,上样板限定最大孔位数为96孔 由系统生成唯一的上样板条码号进行标识 格式:

物种代码+用户名代码+二位年份+P+五位板序号+检验项目类型代码,示例如: "MGJR14P00001P"表示玉米的 GJR 检验员在 2014年的第一块板,做的是对外检测项目。用户名代码必须在系统后台中预先设定,并保证在系统中不得出现名称重复的情况,上样板条码号将由系统自动生成。物种代码放在前面,先选定物种代码,之后的用户名代码、年份、板号都由系统自动形成,板号的流水号生成可以按物种分开;最后再选择或输入项目类型代码,该信息只是作为备注信息。

#### 13. 电泳板

由系统生成唯一的电泳板条码号作为系统内标识 编号格式如:

> 上 样 板 条 码 +--+ 引 物 组 名 + 电 泳 板 流 水 号 + 时 分 , 如: MGJR2014P00001P--Q1-1-0211。

注意:

- ➤ 一块上样板可生成任意多块电泳板,上样板与电泳间孔位有对应关系。
- ▶ 双横扛 "--"很重要,这是一个标识符,指纹接收服务将按"--"前的 上样板号自动按孔位数据合并。在某些特殊情况下写错了可通过提 供的工具软件对 FSA 文件里的该标识进行修改。
- > 电泳板流水号用于标记当天创建的电泳板, 使之不重复。

#### 14. 电泳配置文件

创建好电泳板信息即可在系统中导出 ABI DNA 分析仪所需的电泳配置文件,示例如: MGJR14P00003P--MQ1-1-1118.txt

ABI DNA 分析仪关键配置项:

配置项名	含义
Plate ID	电泳板条码号
Well	孔位号
Sample	DNA 条码号

Name	
Panel	Panel 名 加 MQ1
Results	FSA 文件存储分
Group 1	组名

#### 四 数据分析

#### 1. 数据入库

数据入库内容:

指纹带型信息和图谱信息

入库逻辑:

- 1、将指纹带型信息和图谱存储到原始库
- 2、按上样板+孔位查找原始库中的指纹
- 3、按平行实验组数=1的条件合并指纹
- 4、将合并结果写入实验员库

#### 注意事项:

1、在 SSR 指纹分析器中,单块电泳板的引物位点数据修改或删除 后需要重新上传,系统将需要重新审核指纹数据。

2、在 SSR 指纹分析器中,若删除某个孔位 FSA 文件则系统将不能获知该数据删除操作,需要在系统中手工删除板孔指纹数据。

#### 2. 指纹数据算法处理

两种处理方式:

 指纹合并:将指纹数据按照人工择选方式进行程序算法化,指纹统 计、指纹审核也是合并的一种体现方式

▶ 指纹比对:对指纹数据人工比对过程进行程序算法 指纹合并算法关键参数:

- ▶ 平行实验组数:即参与实验检测的实验负责人数
- ▶ 最小无差异位点占比:即择选位点时要求控制无差异位点的百分 比,默认 60%

指纹比对算法关键参数:

- 碱基偏移量:用于筛选 Allele 相似性,判定时认为小于该参数为无 差异 Allele,控制数据间相似性范围,默认为 2,因为真实性主要 是判定样品间有差异,故对于不确定位点将视为相同,但对于明显 差异的则会被筛选出来用于差异判定,故真实性不能够用来判定样 品相同,但确能判定样品不同
- ▶ 比较位点数:用于过滤参与比对的指纹,控制比对质量,默认 20
- ▶ 差异位点数:用于过滤比对结果的范围,控制结果范围

#### 3. 混合样与个体样的算法兼容

混合样的数据处理是通用方式

个体样数据通过统计方式获取其频率最高的带型作为代表带型,并存储其统计出的各带型占比信息

对于个体样的差异甄别需要按图谱进行确定

在个体样指纹和混合样指纹同时存在的情况下,将优先合并个体样数据, 再将个体样数据视为混合样数据

4. 指纹合并算法



指纹合并算法分为4个级别。样品级为最高权重,样品级反映不同批次样品间的差异性,一个样品指纹汇集了多个实验员的数据分析,由样品负责人最终审核出样品指纹数据,所以权重为1;实验员级反映多个实验员的数据分析水平,因为有多个实验员进行多次 DNA 实验,所以权重为1/n;DNA 级反映实验员实验操作水平,因为做多次 DNA 实验,所以权重为 1/n;实验级反映实验设备状态,上样水平,因为实验设备被多次使用,所以权重为 1/n,实验级是最基础的步骤。通过层级合并时的权重累计可初步反映出样品指纹的实验、仪器和数据分

析的质量。

### 5. 提高指纹质量的途径

特点

- 理想情况下,即在实验过程和数据分析过程无误的情况下,单个实验员对于一份样品不论进行多少次实验均不会影响其在最终结果中的权重占比。
- 在实际情况下,单个实验员的多次实验只会提高实验员自己实验数据的准确性,故通常情况下单个实验员的重复实验会提高整体审核结果指纹质量。
- 增加实验员进行平行实验将会提高指纹数据的质量,因为独立实验 不会因为单个实验员习惯性的因素影响导致习惯性操作错误。

#### 6. 指纹审核级别

指纹审核分级:

- ▶ 实验负责人审核级: 审核实验负责人自己上传的指纹数据
- 样品负责人审核级: 审核样品负责人负责的样品对应的所有指纹数据

审核结果异同:

- > 实验员审核实验指纹库,样品负责人审核样品指纹库
- ▶ 审核的指纹范围不同:样品负责人范围更大
- ▶ 样品负责人审核后的结果将自动入本地库进行实验室内共享
- 使用的审核条件不同,实验负责人级更宽,内置审核条件的平行实验组数等于1,而样品负责人级为保证出具检验结果准确性,平行实验组数多数要求为2及以上

#### 7. 指纹比对

比对方式:

- ▶ 疑似比对:比对出非同名样品的差异位点数小于等于指定范围内的 指纹
- 同名比对:比对出样品名称相同而差异位点数大于等于指定范围内的指纹
- ▶ 范围内比对:给定范围内的指纹互比

> 自定义比对:确定的指纹对之间互比

比对条件:

样品类型: 自交系和杂交种指纹

#### 8. 检验结果库

存储校正过的比对结果信息数据,包含指纹数据、校正后的差异位点情况、 描述信息等 检验结果库可以进行共享,但只允许所属用户修改删除 通过绑定项目编号或合同号进行数据关联,为日后检测数据的追溯提供方 便,绑定了编号的结果记录将不再允许被更改 可作为考查样品负责人的工作依据

#### 9. 检验结果报告打印

#### 检验结果报告

检验结果条码号: MYY1500001

序号	样品条码等		样品	样品名称		样品来源			样品类型
1	BGG	3733	晋自	<b>≜7</b> 3	农业	部征集	审定品种		杂交种
2	BG	G870	晋自	<b>≜73</b>	农业	部征集	审定品种		杂交种
				位点	点统计				
总位	点数	差野	异位点数	无差算	异位点数	无法	判定位点数		缺失位点数
4	10		0		40	0		0	
	指纹数据								
序号	引物编	号	引物	名	BGG3	733	BGG870	)	是否差异
1	P01		bnlg43	9w1	350/3	350/350		)	无差异
2	P02		umc133	umc1335y5		240	240/240	)	无差异
3	P03		umc200	umc2007y4		252	250/252		无差异
4	4 P04 bnlg1940k7		358/358 358/358		;	无差异			
5	5 P05 umc2105k3		290/2	290/291 290/291			无差异		
6	P06 phi053k2		336/3	336/362 336/362			无差异		
7	P07		phi07	2 <b>k</b> 4	411/4	411	411/411		无差异
8	P08		bnlg22	bnlg2291k4		104	382/404	-	无差异

#### 10.指纹数据误差

样品质量问题:

样品一致性差、样品或 DNA 等未按标准存放等。

实验设计问题:

主要是样品编号、电泳板号未按规则进行编写,补板未按要求进行 设计等。

实验试剂问题:

引物存在问题、各种化学试剂等。

实验操作问题:

移液错误、引物扩增失败、DNA 提取失败等。

仪器状态问题:

引物扩增失败、未按正确方式使用仪器、仪器本身产生误差或仪器 出现硬件故障导致产生的问题,表现为数据不正常、峰的位置不正 常、无峰值等。

分析数据问题:

多峰、N+1峰、连续峰的判读以及新的特异带型出现,使用的 Panel 版本不一致等。

#### 11.误差对入库的影响

实验员指纹数据合并时位点缺失度提高 实验员自己多组实验数据间的差异性提高 多个实验员间数据的差异性提高 实验数据与历史已有审核数据的差异性提高 其它方面

#### 12. 消除误差数据

保证收样时的样品成色或 DNA 来源 采用稳定和高质量的试剂,保证试剂供应商供货稳定 采用工作站进行自动移液操作 定期进行各类仪器检修和校准 统一 Panel 版本,不断完善特异带型,内置通过指纹分析器打开时自动从 服务器同步来完成 定期对实验人员和数据分析人员进行培训和交流总结 按照相关实验方法标准进行实验操作 按照本系统要求的相关实验原则进行实验设计 不断提高 SSR 指纹数据分析器的自动分析能力 平行实验的对比验证:实验员板内重复与多实验员间重复 不断优化本系统相关辅助功能

#### 13.数据共享机制

数据交换方式:

- ➢ Excel 格式交换:只包含了指纹数据信息,交换时需要预先向对方 提供样品信息
- ▶ 指纹数据包格式交换:包含了指纹数据和图谱数据信息,交换时需 要预先向对方提供样品信息
- ▶ 网络方式交换:直接以 XML 标准格式向对方提交样品、指纹、图 谱数据信息

数据交换相关机制:

- ▶ 种属识别机制,用于判别数据种属是否被接受
- ▶ 样品条码唯一性机制,由系统来保证
- 系统唯一标识码机制,保证数据包及网络接收的数据是通过合法系统导出,该标识码被注册到目标服务

# 五 系统说明

# 1. 下载路径设置

本系统使用谷歌浏览器 Google Chrome,谷歌浏览器的默认下载路径如下图。点击浏览器地址栏右上角的"自定义及控制",在下拉菜单里,点击"下载内容":

< → C □	192.168.17.160/ssr3				¶☆ <b>≡</b>
		打开新的 打开新的 打开新的 书签(B) 最近打开	标签页(T) 窗口(N) 隐身窗口(I) 的标签页	Ctrl-	Ctrl+T Ctrl+N FShift+N
	▲ 帐号登录 ● <del>陈月不能为空</del> ● <del>夜月</del> 密码 ● <del>2</del> 登录	/ 修改 网页员存 查找(F) 打印(P) 编放 历史记录 登录到 CC 设置(S) 关于 God 帮助(E) 更多工具 退出(X)	賢切(T) 労(A) (H) (D) hrome (L)	复制(C) 100% + t(G)	粘強(P) Ctrl+S Ctrl+F Ctrl+P ここ Ctrl+H Ctrl+J ・
跳转到	北京市农林科学院玉米研究中心飯包筒有 @2005-2014 技术支持:北京母全值出科技有限公司 "下载内容"页面,如下图:				a ×
← → C []	chrome://downloads				☆ =
▶ 搜索下载: 下载内容 今天			打开下載P	· 磨文件夹	全部清除
2014-10-13	・ 抽力がwww.maizedna.org/ssr3/life/download/path/ExportDatasEkcel/2014/1013/051852/3 主文文住央史显示 込列便中経路       ・ 推動道を列表 下光 (15) 返5 ・ 加力がww.maizedna.org/ssr3/life/download/path/ExportDatasEkcel/2014/1013/051852/3 主文文住央史显示 込列便中経路       ・ 加力がww.maizedna.org/ssr3/life/download/path/ExportDatasEkcel/2014/1013/051849/0 主文文住央史显示 込列便中経路       ・ 加力がww.maizedna.org/ssr3/life/download/path/ExportDatasEkcel/2014/1013/051849/0 主文住央史显示 込列便中経路       ・ 加力がww.maizedna.org/ssr3/life/download/path/ExportDatasEkcel/2014/1013/051849/0 主文住央史显示 込列便中経路       ・ 加力がww.maizedna.org/ssr3/life/mode/17 主文住央史显示 込利度中経路       ・ 加力がww.maizedna.org/ssr3/life/mode/17 ・ 大学住央史显示 込利度中経路				

可直接点击文件标题,查看文件内容。 如需要自定义下载路径,点击浏览器地址栏右上角的"自定义及控制",在下拉 菜单里,点击"设置",如下图: 

Ø 登录 ×			- 0 ×
← → C 🗋 192.168.17.160/ssr3			¶☆ 〓
<u> </u>		打开新約标签页(T) 打开新約廠口(N) 打开新約隐身窗口(I) 书签(B) 最近打开的标签页	Ctrl+T Ctrl+N Ctrl+Shift+N
	▲ 帐号登录	修改 剪切(T)	复制(C) 粘贴(P)
	◎ 株号不能为空 ● 末町 - 5 米 → ●	网页另存为(A) 查找(F) 打印(P)	Ctrl+S Ctrl+F Ctrl+P
		缩放 -	100% + []
	密码	历史记录(H) 下载内容(D)	Ctrl+H Ctrl+J
		登录到 Chrome	
		设置(S)	
		关于 Google Chrome	:(G)
		帮助(E)	•
		更多工具(L)	+
		退出(X)	Ctrl+Shift+Q
	北京市农林科学院玉米研究中心版权所有 ©2005-2014 技术支持:北京华生恒业科技有限公司		

然后跳转到"设置"页面,下拉滚动条到底后,点击"显示高级设置",如下图:

/ 🥑 双翅贝面	× ¥ 10 1		
← ⇒ C □ d	nrome:// <b>settings</b>		公
Chrome	设置	在设置中搜索	
历史记录 扩展程序 设置	启动时 <ul> <li>自开新标签页</li> <li>从上次等下的地方继续</li> </ul>		
÷	打开特益网页或一组网页、设置网页       外观       「夢取主题發展」       重型分放认主题容量       显示主页按钮       总是显示书签栏		
	搜索 设置在通过多功能框架束时所用的搜索引擎。		
	目前,忽是Google Chrome韵唯一用户。 游劫新用户…		
	Google Chrome目前不是默认逃觉器。 显示高级设置…		

继续下拉滚动条,找到【下载内容】该项,点击"更改",弹出浏览文件夹对话框,选择保存位置,点击"确定",即下载内容保存路径已设置完成。如下图:

#### SSR软件系统应用培训V1.0

🔗 欢迎页面	× <b>本</b> 设置 ×	- 0 ×
← → C □ chr	rome:// <b>settings</b>	☆ =
<ul> <li>← ⇒ C □ chu</li> <li>Chrome</li> <li>历史记录</li> <li>扩展相序</li> <li>役置</li> <li>关于</li> </ul>	<ul> <li>○ 次回</li> <li>○ 询问是否翻译非影听用语言的网页、管理语言</li> <li>▶ 预约算保护位置: (1级约文档Downloads</li> <li>● 下载办询问每个文件的保守位置</li> <li>▶ TTPS/SSL</li> <li>● 可要求询问每个文件的保守位置</li> <li>▶ TTPS/SSL</li> <li>● 查里亚语</li> <li>● Google 云打印</li> <li>● 设置或管理 Google 云打印 中的打印机, 了船建造</li> <li>● 查理</li> <li>● 在网络中检测到频打印机则显示通知</li> <li> 系统 <ul> <li>● 关闭 Google Chrome 后继续运行后合应用</li> <li>● 使用硬件加速模式(如果可用)</li> </ul> </li> <li>■ 重固测览器设置</li> <li>* 浓流器将显示规则成认设置、</li> <li>■ 重直流波器设置</li> </ul>	
	隐藏高级设置	

# 2. 登录

输入系统地址,打开系统首页,输入账号密码,点击"登录",进入系统。

← → C 🗋 192.168.17.160/ssr3		₽☆ =
<b>11</b>		▲登录
	▲帐号登录	
	● 株号不能力空           ● 密码不能力空           密码	
	• <b>〕</b> 登录	
	北京市农林科学院王术研究中心版权所有 ©2005-2014 技术支持:北京华生僵业科技有限公司	

⑦ 欢迎页面	a × 🗖							
← → C	192.168.17.160/ssr3/no/index							۲ ۲
	<b>》 王王 ※</b> 引物 • 《祥品 •	▲ 实验 ・   ★ 指纹 ・	罿 本地库 ▼	◆比对 -			▲王璐 ◄	<b>^</b>
	■ 统计信息					● 文件下载	=	_
	我负责的样品				41个	SSR Aanlyser V1.8.1	指纹分析器	
	我提取的DNA				8467个	SSR AnalyserV1.2.0(待测试,谨慎使		
	我的上样板				23个		~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~	
	我的电泳板				67个	Panen设直与史新说明	又有	
	我的待审实验指纹				9279个	SSR Analyser使用说明书	文档	
	我审核的实验指纹				5539个			
	我的待审样品指纹				31个			
	我审核的样品指纹				0个			
	我提交的本地指纹				0个			
		北京市农林科学院玉米研	究中心版权所有 ©2(	005-2014 技术支持	9: 北京华生恒业科	技有限公司		

# 3. 注销

点击系统右上角的账号名称,在弹出的下拉列表中,选择"注销"即可退出系统, 返回到系统登录页面。

⊘ 欢迎页面	ū × 🗖					
← ⇒ c	192.168.17.160/ssr3/no/index				ş	☆≡
	崎 💷 🕺 अ 引物 🗸 🛛 🛛 🖉 样品 🖌 🔺 🔺 文验	▼ ★指纹▼ 豊本地库▼ ◆比对	•		▲王璐 ▼	-
	圓 统计信息			● 文件下载	<ul> <li>● 注销</li> <li>☑ 修改密码</li> </ul>	
	我负责的样品		41个	SSR Aanlyser V1.8.1	▲ 个人信息 ■ 修改头像	- 1
	我提取的DNA		8467个	SSR AnalyserV1.2.0(待测试,谨	☞ 物种分类	
	我的上样板		23个		■ 帮助文档	
	我的电泳板		67个	Paneng五与史新说明	▲ 意见反馈	
	我的待审实验指纹		9279个	SSR Analysen使用成明书	Ⅲ 系统维护 營 关干	
	我审核的实验指纹		5539个			
	我的待审样品指纹		31个			
	我审核的样品指纹		01			
	我提交的本地指纹		01			
192.168.17.16	50/ssr3/no/logout	农林科学院玉米研究中心版权所有 ©2005-2014	技术支持:北京华生恒业科技	技有限公司		-

# 六 系统功能

# 1. 引物

#### 1.1 位点组合查询

点击"引物"->"位点组合查询",此功能模块可以查看全部的位点组合。 SSR 管理员添加引物组分为两种类型,系统默认和自定义。 SSR 管理员点击" 💼 "添加按钮,弹出如下【添加引物组】对话框:

* 引物组名称	引物组名称	
引物组类型	系统默认	•
是否启用	不启用	•
备注	备注信息	
		h h

需输入必填项引物组名称,选择"引物组类型"为系统默认还是自定义,选择"是 否启用",以及填写备注,点击"保存"后,新添加的引物组将显示在位点组合 列表中。注:只能启用一个系统默认的引物组,并且也只能启用一个自定义的引 物组。

实验员只可添加自定义引物组,点击"<sup>+</sup>"添加按钮,弹出如下【添加引物组】 对话框:

添加引物组		×
*引物组名称	引物组名称	
是否启用	不启用	
备注	备注信息	
	保存    关闭	

需输入必填项引物组名称,选择"是否启用",以及填写备注,点击"保存"后, 新添加的引物组将显示在位点组合列表中。注:只能启用一个自定义的引物组。

点击" 🗹"编辑按钮, 可以对引物组进行编辑。

可以导入引物,点击" 🚢 "导入引物按钮,弹出如下【导入引物】对话框:

导入引物	×
*选择文件 选择文件	
	▲ 导入 ● 模板 关闭

点击"模板",按照模板中的格式编制引物信息保存后,选择引物信息 EXCEL 文件,点击"导入"即可。

点击" 🎴 "导出引物按钮,可以导出引物 EXCEL 信息。

点击" 💼 "删除按钮,可以删除引物组。

#### 1.2 引物查询

点击"引物"->"引物查询", SSR 管理员可以添加、导入、编辑和删除引物信息; 其他人员只可查看和导出引物信息。

SSR 管理员操作系统的第一步为导入引物,点击"<sup>▲</sup>"导入引物按钮,弹出如 下【引物信息导入】对话框:

引物信息导入		×
★引物信息Excel	选择文件 未选择任何文件	
是否覆盖	是	
a ç	<b>兰</b> 导入	● 模板 关闭

选择引物信息 Excel 表,选择是否覆盖,如选择是,则后导入的重复的引物名称 的引物信息会覆盖更新掉之前导入的引物信息;如选择"否",则后要导入的重 复的引物名称的引物信息不会被导入。点击"导入",即导入的引物信息显示在 引物列表中。

SSR 管理员点击" \*"添加按钮,弹出如下引物【添加】对话框:

添加		×
*引物名称	引物名称	
染色体位置	染色体位置	
等位变异范围	产物范围	
正向引物序列	正向引物序列	
反向引物序列	反向引物序列	
等位基因及基因 频率	等位基因	
重复序列	重复序列	
是否参与比对	不参与    ▼	
是否生成图谱	否	
备注信息	备注信息	
	保存    关降	म

填写上述相关信息,点击"保存",即引物信息保存在引物列表中。

SSR 管理员点击" <sup>©</sup>"编辑按钮,编辑引物信息;点击" <sup>m</sup>"删除按钮,即 可删除引物信息。

#### 1.3 荧光查询

点击"引物"->"荧光查询", SSR 管理员可以添加、导入、编辑和删除荧光信息; 其他人员只可查看和导出荧光信息。

SSR 管理员操作系统的第二步为导入荧光,点击"<sup>▲</sup>"导入荧光按钮,弹出如下【荧光信息导入】对话框:

荧光信息导入	2	(
⁺荧光信息Excel	选择文件未选择任何文件	
是否覆盖	是	
	▲ 导入 ● 模板 关闭	

选择荧光信息 Excel 表,选择是否覆盖,如选择是,则后导入的重复的引物名称 的荧光信息会覆盖更新掉之前导入的荧光信息;如选择"否",则后要导入的重 复的引物名称的荧光信息不会被导入。点击"导入",即导入的荧光信息显示在 荧光列表中。

SSR 管理员点击" \*"添加按钮,弹出如下荧光【添加】对话框:

添加			×
* 引物名称	引物名称		
* 引物合成编号	引物合成编号		
荧光染料	NED	•	
备注信息	NED PET	~	
	FAM VIC		
		保存	关闭

填写上述相关信息,点击"保存",即荧光信息保存在荧光列表中。

SSR 管理员点击" <sup>©</sup>"编辑按钮,编辑荧光信息;点击" <sup>©</sup>"删除按钮,即可删除荧光信息。

#### 1.4 新建引物组

点击"引物"->"新建引物组",在此功能页面,可以新建引物组。需输入必填 项引物组名称,SSR管理员需选择"引物组类型"为系统默认还是自定义,实验 员的引物组类型只可为自定义,选择"是否启用",以及填写备注,点击"保存" 后,新添加的引物组将显示在位点组合列表中。注:只能启用一个系统默认的引 物组,并且也只能启用一个自定义的引物组。

#### 1.5 引物模板

点击"引物"->"引物模板",在此功能模块,下载引物信息导入模板。

#### 1.6 导入引物

SSR 管理员操作系统流程的第一步。

在"引物"模块,点击"导入引物",弹出下图引物信息导入对话框,选择引物 信息 Excel 上传,选择是否覆盖,如选择是,则后导入的重复的引物名称的引物 信息会覆盖更新掉之前导入的引物信息;如选择"否",则后要导入的重复的引 物名称的引物信息不会被导入,点击"导入",即导入的引物信息显示在引物列 表中。

引物信息导入	×
*引物信息Excel	选择文件 未选择任何文件
是否覆盖	
	▲ 导入 ● 模板 关闭

#### 1.7 导出引物

在"引物"模块,点击"导出引物",即下载引物信息列表。

#### 1.8 荧光模板

点击"引物"->"荧光模板",在此功能模块,下载荧光信息导入模板。

#### 1.9 导入荧光

SSR 管理员操作系统流程的第二步。

在"引物"模块,点击"导入荧光",弹出下图荧光信息导入对话框,选择荧光 信息 Excel 上传,选择是否覆盖,如选择是,则后导入的重复的引物名称的荧光 信息会覆盖更新掉之前导入的荧光信息;如选择"否",则后要导入的重复的引 物名称的荧光信息不会被导入。点击"导入",即导入的荧光信息显示在荧光列 表中。

荧光信息导入	×
*荧光信息Excel	选择文件 未选择任何文件
是否覆盖	是
	▲ 导入 ● 模板 关闭

#### 1.10 导出荧光

在"引物"模块,点击"导出荧光",即下载荧光信息列表。

#### 2. 样品

#### 2.1 样品查询

点击"样品"->"样品查询",样品负责人可以对样品信息进行排序、导入样品 信息、导出样品信息和添加样品信息。

样品负责人对自己添加导入的样品能够编辑和删除,对他人添加导入的样品只能 查看。

点击" 1" 排序按钮,可以按时间先后排序。

点击"<sup>▲</sup>"导入样品信息按钮,弹出如下样品信息导入对话框,先点击"模板" 下载模板,在模板中添加更新样品信息后保存为另一个文件后,点击"选择文件", 选择保存后的文件,然后选择是否覆盖,此功能选项是针对重复的样品条码号。 如选择"是",则后导入的重复的样品条码号的样品信息会覆盖更新掉之前导入 的样品信息;如选择"否",则后要导入的重复的样品条码号的样品信息不会被 导入(注意:样品负责人只可覆盖更新自己创建的样品信息,不能导入覆盖他人 创建的样品信息)。点击"导入",即导入的样品信息显示在样品列表中。

样品信息导入		×
★样品信息Excel 是否覆盖	选择文件 未选择文件 是	
	▲ 导入 ● 模板	关闭

样品负责人可以对自己负责上传创建的样品进行编辑,点击"<sup>0</sup>"编辑按钮, 弹出如下编辑对话框:

编辑	×
*样品条码号	WE91
*样品名称	神玉2号
*样品原编号	6145
-∩ 样品来演	农业部品种权保护
·	→ 杂交种 ▼
音 备注	备注
<u>.</u>	保存
- 22	

除样品条码号之外,其他都可以信息都可以编辑保存。

样品负责人可以对自己负责上传创建的样品进行删除,对单个样品信息,点击操 作中的"<sup>•</sup>"删除按钮,即可删除单个样品信息。

如果不是自己上传创建的样品,则只可查看,对单个样品信息,点击操作中的

" 🔍 "查看按钮, 弹出如下查看对话框:

查看		×
样品条码号	ML1	
样品名称	丹3364	
样品原编号	DNA1	
样品来源	2014年辽宁区试	
样品类型	杂交种	
样品负责人	王璐	
创建时间	2014-09-15 16:28:09	
更新时间	2014-09-15 16:28:09	
备注信息		
		关闭

样品负责人点击" <sup>2</sup>"导出样品信息按钮,弹出导出样品信息对话框,可以按照"样品条码号 EXCEL"导出,下载模板,在模板中更新添加样品条码号,另存为一个文件后,然后选择该文件,点击"导出",即会根据样品条码号对系统中存在的要求导出的样品信息成功导出(为模糊导出,按顺序取前几位相同的字符)。另可点击"导出所有",即系统中存在的所有的样品信息将被导出。 切换到"样品条码号",输入样品条码号,每个样品条码号以逗号分割,点击"导出",即会根据样品条码号对系统中存在的要求导出的样品信息成功导出。(此处为模糊查询导出,按顺序取前几位相同的字符)。

点击"<sup>•</sup>"添加按钮,填写样品条码号、样品名称、样品原编号、样品来源、 以及备注,选择样品类型,点击"保存",即样品信息保存显示在"样品查询" 页面。

添加		×
*样品条码号	样品条码号	
*样品名称	样品名称	
*样品原编号	样品原编号	
样品来源	样品来源	
样品类型	自交系	
备注	备注	
	保存    关	त्री

# 2.2同物异名查询

点击"样品"->"同物异名查询",此功能只有 SSR 管理员才能导入、导出、添加、编辑、删除操作。 其他人员只可查看同物异名信息。

SSR 管理员点击" <sup>2</sup>"导入同物异名信息按钮,弹出如下【同物异名信息导入】 对话框: .

同物异名信息导入		×
*同物异名信息Excel	选择文件 未选择任何文件	
	🎽 导入 🕑 模板	关闭

先点击"模板"下载模板,在模板中添加更新信息后保存为另一个文件后,点击 "选择文件",选择保存后的文件,点击"导入",即导入的信息显示在同物异 名列表中。

点击" 🎴 "导出同物异名信息按钮,即可导出同物异名全部信息。

点击" 📍 "	添加按钮,	弹出如下添加对话框:
---------	-------	------------

添加	X
*别名列表	别名列表
是否启用	
备注	
	保存    关闭

填写别名列表,选择是否启用,填写备注信息,点击"保存",即添加的同物异 名信息将显示在同物异名列表中。

点击" 🤷 "按钮,可查看每个同物异名信息。

点击" 🧉"按钮,可编辑每个同物异名信息。

点击操作中的" " 按钮, 可删除每个同物异名信息。

勾选列表中的同物异名信息,点击" " 批量删除按钮,可批量删除同物异名信息。

#### 2.3 添加同物异名

此功能只有 SSR 管理员可以操作,在"样品"模块,点击"添加同物异名",弹 出添加对话框,填写别名列表,选择是否启用,填写备注信息,点击"保存", 即添加的同物异名信息将显示在"同物异名查询"页面中。

添加	×
*别名列表	别名列表
是否启用	
备注	
	保存关闭

#### 2.4 添加样品

在"样品"模块,点击"添加样品",弹出添加对话框,填写样品条码号、样品 名称、样品原编号、样品来源、以及备注,选择样品类型,点击"保存",即样 品信息保存显示在"样品查询"页面。
添加		×
*样品条码号	样品条码号	
*样品名称	样品名称	
*样品原编号	样品原编号	
样品来源	样品来源	
样品类型	自交系	
备注	备注	
	保存关注	त्र

#### 2.5 Excel 模板

在"样品"模块,点击"Excel模板",即可下载样品信息模板。

### 2.6 导入样品

在"样品"模块,点击"导入样品",弹出样品信息导入对话框,先点击"模板" 下载模板,在模板中添加更新样品信息后保存为另一个文件后,点击"选择文件", 选择保存后的文件,然后选择是否覆盖,此功能选项是针对重复的样品条码号。 如选择"是",则后导入的重复的样品条码号的样品信息会覆盖更新掉之前导入 的样品信息;如选择"否",则后要导入的重复的样品条码号的样品信息不会被 导入(注意:样品负责人只可覆盖更新自己创建的样品信息,不能导入覆盖他人 创建的样品信息)。点击"导入",即导入的样品信息显示在样品列表中。

样品信息导入		×
★样品信息Excel 是否覆盖	选择文件 未选择文件 是	
	▲ 导入 ● 模板	关闭

### 2.7 导出样品

在"样品"模块,点击"导出样品",弹出导出样品信息对话框,提供两种导出 方式:样品条码号 Excel 导出和样品条码号导出。可以按需求导出部分样品信息, 也可以导出全部。

选择"样品条码号 Excel",选择样品条码号 Excel 文件,点击"导出",即可下载导出的样品信息表。

选择"样品条码号",输入样品条码号(此处为模糊查询,按顺序取前几位相同的字符),点击"导出",即可下载导出的样品信息表。

### 3. 实验

### 3.1DNA 提取

点击"实验"->"DNA 提取",此功能模块可以查看查询、导入、导出、新增、 编辑以及删除 DNA 信息。

实验员的流程操作第一步为导入 DNA 提取信息,使用导入 DNA 提取信息功能,先 点击"③"下载模板按钮,按照模板中的格式添加更新内容,然后再点击"<sup>④</sup>" 导入按钮,弹出如下【DNA 信息导入】对话框,选择 DNA 提取信息文件,点击"导 入"后, DNA 提取信息将显示在"DNA 提取"页面中。

DNA信息导入		×
*DNA提取信息Excel	选择文件未选择任何文件	]
	🛛 🛎 导入	● 模板 关闭

实验员可以导出自己创建的 DNA 提取信息,点击右上角的" <sup>2</sup> "导出 DNA 提取按钮即可。

实验员也可以单个新增样品 DNA 提取信息,点击右上角的" \* "新增按钮, 弹出如下对话框,

添加			×
*样品条码号	样品条码号		
* DNA条码号	DNA条码号		
样品类型	自交系	•	
提取方式	混株提取	T	
		保存	关闭

填写样品条码号和 DNA 条码号,选择样品类型和提取方式,点击"保存"后, DNA 提取信息将显示在样品 DNA 列表中。DNA 条码号有唯一性,如果填写的 DNA 条码号已经存在,则不能保存。

实验员可以批量删除样品 DNA 信息,勾选某些信息,点击"<sup>1</sup>"批量删除按钮即可,删除操作后,页面将保留之前的顺序排列,以方便删除后的暂时性的查看。 手动刷新后,才以新顺序排列。 实验员可以对单个样品 DNA 信息,进行编辑,点击" 🧭 "编辑按钮即可,也

可以进行删除,点击" 💼 "删除按钮即可。

### 3.2 PCR 扩增

点击"实验"->"PCR 扩增",实验员 DNA 提取后,进入到 PCR 扩增操作,可以 添加上样板、添加 DNA 条码号信息、编辑上样板信息、删除上样板、编辑 DNA 条码号信息、删除 DNA 条码号信息。

需要先点击右上角的"<sup>+</sup>"添加上样板按钮,弹出如下【添加上样板】的对话框:

添加上样板		×
空上样板	DNA条码号 DNA条码号区间	
*上样板类型	选择上样板类型代号	
描述		
	保存 关闭	Ð

添加上样板分为三种方式,第一种为添加空上样板方式,第二种为添加 DNA 条 码号方式,第三种为添加 DNA 条码号区间方式。可以根据实际业务选择添加的方式。添加空上样板方式为选择上样板类型后,点击"保存",即上样板创建完成,显示在 PCR 扩增列表中。

切换到 DNA 条码号方式,如下对话框:

添加上样板	×
空上样板	DNA条码号 DNA条码号区间
*上样板类型	选择上样板类型代号 ▼
DNA条码号	起始DNA条码号 预览
条码号规格	967L -
描述	
	保存    关闭

选择上样板类型,输入起始 DNA 条码号,选择条码号个数,其中输入起始 DNA 条码号支持自动补全功能,点击"预览",弹出如下上样板预览页面,在预览页面,点击 DNA 条码号,会显示相关联的板孔号和样品信息。待条码号确认无误后,返回到添加上样板页面,点击"保存",上样板添加成功后自动返回列表页面。

Ť	烦览上样板											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
А	RJ1400055	RJ1400056	RJ1400057	RJ1400058	RJ1400059	RJ1400060	RJ1400061	RJ1400062	RJ1400063	RJ1400064	RJ1400065	RJ1400066
в	RJ1400067	RJ1400068	RJ1400069	RJ1400070	RJ1400071	RJ1400072	RJ1400073	RJ1400074	RJ1400075	RJ1400076	RJ1400077	RJ1400078
С	RJ1400079	RJ1400080	RJ1400081	RJ1400082	RJ1400083	RJ1400084	RJ1400085	RJ1400086	RJ1400087	RJ1400088	RJ1400089	RJ1400090
D	RJ1400091	RJ1400092	RJ1400093	RJ1400094	RJ1400095	板孔号: C07	,		RJ1400099	RJ1400100	RJ1400101	RJ1400102
Е	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	样品名称:金钱	朱脆;DNA条码号:I	RJ1400085;样	NONE	NONE	NONE	NONE
F	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	品来源:农业部	『征集审定品种;		NONE	NONE	NONE	NONE
G	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE
н	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE	NONE
F G H	NONE NONE NONE	NONE NONE NONE	NONE NONE NONE	NONE NONE NONE	NONE NONE NONE	品来源:农业部 NONE NONE	8征集审定品种; NONE NONE	NONE	NONE NONE NONE	NONE NONE NONE	NONE NONE NONE	

切换到 DNA 条码号区间方式,如下对话框:

添加上样板		×
空上样板	DNA条码号 DNA条码号区间	
*上样板类型	选择上样板类型代号 ▼	
DNA条码号	起始DNA条码号 结束DNA条码号 预览	
私講		
	保存    关闭	

选择上样板类型,输入起始 DNA 条码号和结束 DNA 条码号,点击"预览",查 看信息,点击"保存",上样板添加成功后自动返回列表页面。

(注:上样板的命名规则:种属编号+用户姓名首字母大写+流水号+上样板类型)。

添加上样板后,导入 PCR 扩增数据,点击"<sup>≦</sup>"导入按钮,弹出如下【PCR 扩 增数据导入】对话框:

PCR扩增数据导入		×
* PCR扩增数据Excel	选择文件	
	导入 ● 模板	关闭

点击"模板",下载模板后,更新添加内容后另存为文件,然后选择文件导入。 可以对某个上样板添加单个 DNA 条码号信息,点击操作中的"**•**"添加按钮, 在弹出的对话框中输入信息后保存,即信息显示在该上样板信息中。

可以对某个上样板进行编辑,点击操作中的" <sup>1</sup> "编辑按钮,在弹出的对话框 中编辑信息后保存,即该上样板信息更新后显示在列表中。

可以对某个上样板和某个 DNA 条码号进行删除,点击操作中的"<sup>1</sup>"删除按 钮即可。

### 3.3 电泳检测

点击"实验"->"电泳检测",实验员 PCR 扩增后,进入到电泳检测。首先是添加电泳板。

在电泳检测页面右上角,点击"<sup>•</sup>"添加电泳板按钮,弹出如下【添加电泳板】 对话框:

		×
选择上样板	•	
选择Panel	•	
	保存	关闭
	选择上样板 选择Panel	选择上样板… 选择Panel… 保存

添加电泳板有两种方式,第一种为常规添加,第二种为自定义添加。常规添加需要选择上样板条码号和选择 Panel。 自定义添加,见如下图:

添加电泳板		×
常规 自定义		
*上样板	MWL14P00008A(57孔) - 添加Panel	
MQ1_1.7 •	孔位号,如:A1 孔位号,如:B1 ● 删除	
	保存美	Ħ

选择上样板,点击"添加 panel"后,选择 panel,输入 panel 存在的孔位号,点击"保存",即添加的电泳板显示在电泳板列表中,见下图:

条码号	孔位号	Panel	fsa?	指纹?	创建时间	描述	操作
▷ 🗀 电泳板(MRJ15P00017HMQ9-1-0210)			未上传		2015-02-10 01:27:13		🖺 📥 🕑 🗂
▶ 🗀 电泳板(MRJ15P00016HMQ9-2-0206)			未上传		2015-02-06 08:37:31		🖹 🚔 🕑 🗂
▷ 🗀 电泳板(MRJ15P00016HMQ9-1-0206)			未上传		2015-02-06 02:06:57		🔓 🙅 🧭 💼
▷ 🗀 电泳板(MRJ15P00008PMQ4-41-0204)			未上传		2015-02-04 07:56:52		💺 🚔 🕑 🝈
▶ □申泳板(MRJ15P00008PMQ1-38-0204)			未上传		2015-02-04 07:56:51		🖹 📥 🖸 💼

点击" ╘ "导出配置文件按钮,下载配置文件。

点击" 🚔"打印按钮,可打印电泳板设计。

点击" 1 编辑按钮,编辑电泳板条码号,编辑电泳板孔位表,点击"保存"。

编辑电泳板信息		×
*电泳板条码号 电泳板孔位表	MWL14P00008AMQ1-1-0106 选择文件 未选择任何文件 ④下载模板	
###▲ 注意: • 本功能会同步 信息!	<sup>/抽</sup> 处 修改电泳板内FSA文件的电泳板条码号、DNA条码号、Panel	
	<ul> <li>▲ 保存</li> <li>● 关闭</li> </ul>	Ð

点击"<sup>1</sup>" 上传 Fsa 文件按钮,弹出如下【Fsa 文件批量上传】对话框:

Fsa文件批量上传	:	×
⁺选择Fsa文件:	选择Fsa文件	●上传
支持多个fsa以及	fsa的zip压缩包上传!	
		<ul> <li>关闭</li> </ul>

选择 Fsa 文件,点击"上传",则 Fsa 已上传,在电泳板列表 fsa 处显示已上传。 如上传的 Fsa 无电泳板,则可自动创建该电泳板信息。如下图所示:

#### SSR软件系统应用培训V1.0

+ 0 0

电泳	检测	列	表
		~ ~	

条码号	孔位号	Panel	fsa?	指纹?	创建时间	描述	操作
▷ 🗀 电泳板(GJR2011-Plate24-KQ4-1215)			已上传		2015-06-23 08:12:14	通过FSA构建的	皆 🚔 🖸 🏛 😉 🗲
▶ 🗀 电泳板(MRJ15P00017HMQ9-1-0210)			未上传		2015-02-10 01:27:13		🖹 🚔 🇭 🏛
▶ 🗀 电泳板(MRJ15P00016HMQ9-2-0206)			未上传		2015-02-06 08:37:31		🔓 🚔 🌀 🏛
▶ 🗀 电泳板(MRJ15P00016HMQ9-1-0206)			未上传		2015-02-06 02:06:57		🔓 🚔 🗭 💼
▶ □申泳板(MRJ15P00008PMQ4-41-0204)			未上传		2015-02-04 07:56:52		🖹 📥 🗭 💼

Fsa 上传后,则可点击"<sup>3</sup> "下载 Fsa 按钮,下载 Fsa;可点击" <sup>≁</sup> " SSR 指

纹分析器按钮,在弹出的 Panel 分组对话框中,点击其中一个 Panel 旁的" 🗲 " SSR 指纹分析器按钮,即可将该 Panel 加载到 SSR 指纹分析器中且同时打开 SSR 指纹分析器,通过 SSR 指纹分析器分析上传指纹,上传指纹后,则电泳板列表指 纹处显示已上传。

点击" " 删除按钮,即可删除整块电泳板。

### 3.4 实验审核

点击"实验"->"实验审核",实验审核分为5种方式:时间审核、批量审核、 区间审核、Excel 审核和单个审核。

选择"时间审核",选择时间段,点击"审核",如下图:

时间审核	批量审核	区间审核	Excel审核	单个审核				
		3小时			•			
	*时间范围		审核过去几小时内上传的指纹数据					
			0					

选择"批量审核",输入样品条码号(模糊),点击"审核",如下图:

时间审核	批量审核	区间审核 Excel审核 单个审核
	*样品条码号	模糊查询,如:BGG,SF,WE
	竹帕木叶方	探袖宣问,xu.bGG,SF,WE

选择"区间审核",输入起始样品条码号和结束样品条码号,点击"审核",如下图:

时间审核	批量审核	区间审核	Excel审核 单个审核	§	
	*样品条码号	起始条码	9号	结束条码号	

选择"Excel 审核",选择样品条码 Excel 文件,点击"审核",如下图:

凹曲1%	批重申核	区间审核	Excel审核	单个审核	
样品	品条码Excel	选择文件	未选择任何文	件	●下载模板

选择"单个审核",输入精确的样品条码号,点击"审核",如下图:

时间审核	批量审核	区间审核	Excel审核	单个审核	
	* 样品条码号	精确查询			

点击"审核"后,即跳转至如下图审核结果页面,【入样品指纹库】显示为:成功。页面右上角可以下载自动审核结果和手动审核结果。也可查看各个指纹信息

情况。

■ 实验	指纹审核结果							⑧ 成功 ◎ 手动
序号	样品条码	样品名称	审核状态	位点数	差异数	缺失数	入样品指纹库	操作
1	RJ1401199	CZ007	临时审核	38	0	2	成功	◎ 查看详细
2	RJ1401200	兴业101	临时审核	33	0	7	成功	◎ 查看详细
3	RJ1401201	抚玉20	临时审核	37	0	3	成功	◎ 查看详细
4	RJ1401202	博丰109	临时审核	36	0	4	成功	◎ 查看详细
5	RJ1401203	丹大6号	临时审核	36	0	4	成功	◎ 查看详细
6	RJ1401204	新丹7号	临时审核	35	0	5	成功	◎ 查看详细
7	RJ1401205	承玉14	临时审核	33	0	7	成功	◎ 查看详细
8	RJ1401206	承玉15	临时审核	36	0	4	成功	◎ 查看详细
9	RJ1401207	承玉21	临时审核	37	0	3	成功	◎ 查看详细
10	RJ1401208	春喜11	临时审核	39	0	1	成功	◎ 查看详细
			1 2	3 4 5	6 7 >	>>		总记录数:96

点击"查看详细",可以查看合并的指纹图谱信息,人工分析修改数据,点击"人 工审核"进行手动审核,如下图:

审核指	纹样品信	言息( <mark>RJ14011</mark> 9	99   CZ	<b>Z007 </b> 杂交种	实验指纹	:库  <b>2013</b> 年东	1.北地区种子市场	6收集	-辽宁凤城市)	)				C 🗸
指纹状态			审核方	式		审核时间					:	操作		
临时审核			自动审	核		2014-10-21 16:	2014-10-21 16:16:18					• 1		
源指纹	样品信息	(RJ1401199	CZ00	07   杂交种   3	实验指纹库	[ <b>  2013</b> 年东北	比地区种子市场收	t <b>集-</b> i	了宁凤城市)					C 🗸
序号	DNA会	研号		板孔			是否审核		入库时间					操作
1	RJ140	1199		MRJ14P00043H	A1		未审		2014-09-23 18:03:14				â	
位点统 位点总数	计	无差异位点	ż	在一些	差异位点			缺乡	夫位点数	缺失位点				~
40	个	38个		0个		21			2个	P20,P30				
实验指	纹库数据	ŝ								所有	差异	无差异	缺失	数据不一致
序号	引物编	<del>묵</del>	引物名		🗸 🖂	临时审核			MRJ14P000	043н,А1				
1	🔛 P01		bnlg439	iw1	Image: A start of the start	352/352			352/352					
2	M P02		umc133	5y5	Image: A start of the start	240/252			240/252					
2	P03		ume200	71/4	- R 🖸	256/256			256/256					

# 点击每个审核状态的" 🤷 "查看原始指纹按钮,

待比林	洋品描述 <mark>(</mark>	RJ1401199   CZ00	<b>)7  </b> 杂交种   实	检指纹库)								C	*
样品来》	亰				指纹负责人				审核时间				
2013年充	东北地区种子	市场收集-辽宁凤城市			任洁 (1回) 审核 自动审核 2014-10-21 16:16:18								
原始	指纹样品 排	描述( <b>RJ1401199</b> )	CZ007   杂交种	原始指纹库)								C	*
序号	DNA	条码号	板孔			指纹负责人 入库时			0				
2	RJ1401199 MRJ14P00043H,A1					任洁 2014-09			09-23 17:52:43				
位点统计											•		
总位点数	<u>ک</u>	无差异位点数	差异位点数	差异位点			缺失位点数		快大位点				
4	10个	38个	0个				2个		P20,P30				
指纹教	数据								所有差野	子 无差异	缺失	数据不一	致
序号	引物编号	引物名		🖬 临时审核		M	RJ14P00043	H,A1					
1	P01	bnlg439w1		352/352		🔛 352/	352						
2	P02	umc1335y5		240/252		240/	252						
3	P03	umc2007v4		256/256	256/256								

### 3.5 实验指纹

### SSR 分析器上传指纹后,点击"实验指纹",如图显示出如下信息:

序号	样品条码号	♦ 样品名称	₩ 样品来源 ▼	样品类型	实验原始指纹组数	审核状态 🕴	操作
1	MG100	正成018	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• 111
2	MG101	农单476	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• 11
	MG102	蒙育806	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• 111
l)	MG103	ND367	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• 11
	MG104	BS992	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• 11
	MG105	德单129	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• 11
	MG106	联创808	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• 11
	MG107	秋乐68	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• !!!
	MG108	SF1201	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• !!!
0	MG109	中単585	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	1	未审核	• 111

点击" 🍼 "查看详细按钮,可查看样品指纹的详细信息,如图:

涡	DNA条码号	板孔	是否审核	入库时间	入库时间		操作
	MG100	MRJ14P00031H,B6	未审	2015-06-18 16:33:32			â <b>4</b>
实验打	旨纹库数据				所有差异	无差异 缺	失 数据不一致
序号	引物编号	引物名	✓ MRJ14H	200031H,B6			
i.	P01	bnlg439w1	🕑 🔛 350/350				
2	P02	umc1335y5	241/252				
3	P03	umc2007y4	246/250				
1	P04	bnlg1940k7	✔ 🖬 358/358				
5	P05	umc2105k3	291/291				
5	P06	phi053k2	336/362				
7	P07	phi072k4	🕑 🖬 411/411				
3	P08	bnlg2291k4	🕑 🖾 382/382				
9	P09	umc1705w1	🕑 🎦 303/319				
10	P10	bnlg2305k4	252/288				
1	P11	bnlg161k8	💽 🖬 172/183				

点击操作中的" , 删除按钮, 可删除该指纹信息。



点击""人工审核按钮,可手动审核该指纹。

点击指纹列表中的" " 查看纯度性检测按钮,可显示出样品纯度详细信息。

#### 3.6 上样板查询

点击"实验"->"上样板查询",指纹信息通过指纹分析器上传后,将在此模块 中显示出上样板情况。如果是 GJR2014-Plate55-K-Q1-0331 格式,将根据上传 顺序依次排列,不合并。如果是 MRJ14P00031H--MQ1-0605 格式,将合并为 MRJ14P00031H 显示出。每个实验员只可看到自己上传的指纹上样板, 目可查 看详细的板孔样品信息和指纹信息。

点击上样板列表中的" 🤎 "查看按钮,弹出如下板孔样品详细页面:

MRJ14P	00031HM	Q1-0506 •	前删除电泳板指纹	前删除上样板指纹			C 🕶
序号	板孔	样品条码号	DNA条码号	样品名称	样品类型	样品来源	操作
1	A1	MG83	MG83	承950	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
2	A2	MG84	MG84	XS1102	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
3	A3	MG85	MG85	东8326	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
4	A4	MG86	MG86	金岛HD9078	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
5	A5	MG87	MG87	户单109	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
6	A6	MG88	MG88	BS1025	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
7	A7	MG89	MG89	秋丰768	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
8	A8	MG90	MG90	富友12501	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
9	A9	MG91	MG91	HN887	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
10	A10	MG92	MG92	源丰YT008	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
11	A11	MG93	MG93	株丰1219	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
12	A12	MG94	MG94	锦华318	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	•
13	B1	MG95	MG95	嘉禾798	杂交种	2014年国家区试东华北玉米一组	• •

在板孔样品信息页面,点击" थ "查看实验员库指纹按钮,可显示出实验库 指纹信息。点击" 🗇 "查看原始指纹按钮,可显示出原始指纹。

在上样板查询页面,点击" , 删除按钮,可删除该上样板,点击右上角" , , 重建实验员库全库指纹,可恢复删除的上样板信息。如删除了上样板中的某个指 纹信息,则可点击" 🇮 "重建上样板指纹按钮,可恢复该上样板指纹信息。

### 3.7 指纹分析器

在"实验"模块,提供了指纹分析器的链接。点击"实验"->"指纹分析器"。



此处主要用来上传指纹,每个实验用户登录系统后,点击"指纹分析器"链接, 弹出指纹分析器软件,分析上传指纹,上传后的指纹将在该实验用户的"实验指 纹"模块下显示。



关于指纹分析器的使用,请见《SSR Analyser使用说明书》,可在系统首页文件

下载处下载。

● 文件下载	
SSR Analyser V1.9	指纹分析器
SSR Analyser使用说明书	文档
谷歌浏览器-Mac版本	软件
谷歌浏览器-Windows版本	软件

### 3.8 Panel 设计

点击"实验"->"panel 设计",此处分为系统默认和自定义两种形式,实验用户 只能自定义 panel,供自己使用。SSR 管理员可统一设定 panel,供系统用户使用, 也可自定义 panel。

实验用户进入到 panel 设计页面,如下图所示:

Pane	副列表						<b>◇ ◆ + m</b>
序号	Panel名称 🔻	引物合成编号	个数	版本号♦	创建时间	是否同步 🕴 描述	操作
1	MWL14001_1.0 自定义	P02,P03,P04,P07,P11,P12,P13,P27,P36,P39	10	1.0	2014-08-11 17:51:17	未同步	s 🕫
		1					总记录数:1

### SSR 管理员进入到 panel 设计页面,如下图所示:

Pane	el列表							<b>◇ ◇ +</b> 前
序号	Panel名称 🔹	引物合成编号 ♦	个数	版本号♦	创建时间	是否同步 🕴 描	述	操作
1	P28PET_1.7 系統對认	P28P	1	1.7	2014-09-06 02:33:22	已同步		P 🖸 💼 🖲
2	MQ4_1.8 系统默认	P14,P15,P18,P26,P28,P29,P32,P37,P38,P40	10	1.8	2014-09-16 15:52:54	未同步		s 🖉 🗊 🕑
3	MQ4_1.7 系统默认	P14,P15,P18,P26,P28,P29,P32,P37,P38,P40	10	1.7	2014-09-06 02:30:34	已同步		🕈 🖸 💼 🖲
4	MQ3_1.8 系统默认	P02,P21,P22,P24,P27,P30,P31,P35,P36,P39	10	1.8	2014-09-16 15:52:46	未同步		s 🕫 🕯 🕫
5	MQ3_1.7 系统默认	P02,P21,P22,P24,P27,P30,P31,P35,P36,P39	10	1.7	2014-09-06 02:30:28	已同步		PC î 🖲
6	MQ2_1.8 系统默认	P04,P06,P07,P10,P12,P19,P23,P25,P33,P34	10	1.8	2014-09-16 15:52:37	未同步		s 🕫 🗴
7	MQ2_1.7 系续默认	P04,P06,P07,P10,P12,P19,P23,P25,P33,P34	10	1.7	2014-09-06 02:30:21	已同步		P 🖸 💼 🖲
8	MQ1_1.8 系统默认	P01,P03,P05,P08,P09,P11,P13,P16,P17,P20	10	1.8	2014-09-16 15:52:22	未同步		s 🕫 🕯 🕫
9	MQ1_1.7 系统默认	P01,P03,P05,P08,P09,P11,P13,P16,P17,P20	10	1.7	2014-09-06 02:30:15	已同步		<ul> <li>Ø</li> <li>Ø</li> </ul>
		1						总记录数:9

实验用户点击"<sup>†</sup>"添加按钮,弹出下图添加 panel 对话框,选择引物合成编号,点击"保存",即添加的 panel 显示在 panel 列表中。

添加Panel		×
自定义Panel <b>* 荧光编号列表</b>	选择引物合成编号 ▼	
描述		
注意: 若给定Panel文件已存	存在则选择版本高的入库!	×
	保存关注	त्र

SSR 管理员点击" \* "添加按钮,弹出下图添加 panel 对话框,选择"默认 panel", 然后选择 panel 文件,点击"保存",即添加的 panel 显示在 panel 列表中。

添加Panel		×
自定义Panel 默认Panel *选择文件 选择文件		
田丞	<i>h</i>	
注意: 若给定Panel文件已存在则选择版本高的入库!		×
	保存	关闭

点击"**个**"同步按钮,可使 panel 同步显示到指纹分析器中(run 选项, run wizard 中的 panel),如下图:

Run Wizard	
Template Selection Set the template of the project	
○ Select an existing template or create one ☑ MSSR	Template Name:
	Panet: MQ1_1.7  NONE Size Standard: MQ1_1.7 MQ2_1.7 MQ3_1.7 Standard Color: MQ4_1.7 P28PET 1.7 Analysis Type: Fragment (Plant)
Use last template	Save Delete
	<< <u>B</u> ack <u>N</u> ext >> <u>C</u> ancel

点击" 💎 "取消同步按钮,即该 panel 不在指纹分析器中显示。

点击" <sup>6</sup>"编辑按钮,可进行 panel 描述编辑。

勾选 panel 信息,点击右上角的" <sup>m</sup>"批量删除按钮,即可批量删除。

对某个 panel 信息点击" , 删除按钮, 即可删除。

点击"<sup>1</sup>"下载 panel 文件按钮,即可下载该 panel 文件。

### 3.9 原始库查询

点击"实验"->"原始库查询",可显示出原始库信息。

序号	样品条码号	DNA条码号	样品名称	样品来源	样品类型	板孔	操作
I	MG100	MG100	正成018	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ1-0506, B6	0
	MG100	MG100	正成018	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ2-0506, B6	0
	MG100	MG100	正成018	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ3-0506, B6	0
	MG100	MG100	正成018	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ4-0506, B6	۲
	MG101	MG101	农单476	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ1-0506, B7	۲
	MG101	MG101	农单476	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ2-0506, B7	۲
	MG101	MG101	农单476	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ3-0506, B7	۲
	MG101	MG101	农单476	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ4-0506, B7	0
	MG102	MG102	蒙育806	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ1-0506, B8	۲
0	MG102	MG102	蒙育806	2014年国家区试东华北玉米二组	杂交种	MRJ14P00031HMQ2-0506, B8	0

### 3.10 实验位点统计

点击"实验"->"实验位点统计",如下图:选择样品条码 Excel 或者填写 DNA 条码号、样品名称、上样板编号,点击"统计"。

样品条码Excel	选择文件 未选择任何文件	●下载模板
DNA条码号:	起始DNA条码号	结束DNA条码号
样品名称:	模糊查找	精确查找
上样板编号:	模糊查找	精确查找

弹出下图实验指纹位点统计结果页面: 点击"位点模式",下载位点模式表。 点击"样品模式"。下载样品模式表。

实验指纹位点统计结果		
	● 位点模式指纹位点统计数据	
	◆ 样品模式指纹位点统计数据	

### 3.11 配置 FSA 目录

FSA目录配	<u> </u>		×
实验员	FSA目录	操作	
2 王璐 1	1	▼ 保存	
			关闭

点击"实验"->"配置 FSA 目录",弹出如下对话框:

选择 FSA 目录,存储实验数据,点击"保存"后,将在"电泳检测"模块中的 "导出配置文件"下载的配置文件中显示出,如下图:

		optoiner News Diste ID	Description ContainerTure	InnTime Ormen	Operator	Distofesling	Febodul ing Dac f
· .		WithDooggn Woi 1 1021	MULTADOGOODU MOT 1 1021	Apprype owner	Demiler V	V Canto	1004
	< n	WE14F0000/HMQ1-1-1021	MWD14F0000/HMQ1-1-1021	30-WEIT	Regular 1	i Septa	1234
	S A	ppserver Appinstance					
		enemapper Genemapper G	eneric_instance	Marked Basel	These Designed of	Ci C+	New Defined & New Defined & Deviles Course & Testamore Devices 1 &
	0 W	eri Sampre Name Comm	ent Sample Type Shp Set Analysis	s Method Panel	User-Derined 3	Size Standard	oser-berined 2 Oser-berined 1 Results Group 1 Instrument Protocol 1
	A	01 H2H1400252	MQL			2014-WL-1	65-RC1
	/ A	02 HZH1400253	MQ1			2014-WL-1	G5-RCI
	5 A	03 HZH1400254	MQ1			2014-WL-1	G5-RCT
	9 A	.04 HZH1400255	MQI			2014-WL-1	G5-RCI
1	0 A	05 HZH1400256	MQ1			2014-WL-1	G5-RCT
1	1 A	.06 HZH1400257	MQ1			2014-WL-1	G5-RCT
1	ζ Α	07 HZH1400258	MQ1			2014-WL-1	G5-RCT
1	3 A	08 HZH1400259	MQ1			2014-WL-1	G5-RCT
1	4 A	09 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
1	A	10 NONE	NONE		2014-WL-	G5-RCI	
1	6 A	11 NONE	NONE		2014-WL-	G5-RCT	
1	7 A	12 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
1	8 <b>B</b>	01 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
1	9 B	02 NONE	NONE		2014-WL-	G5-RCT	
2	B	03 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
2	1 B	04 NONE	NONE		2014-WL-	G5-RCT	
2	2 <b>B</b>	05 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
2	3 B	06 NONE	NONE		2014-WL-	G5-RCT	
2	4 B	07 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
2	5 B	08 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
2	6 B	09 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
2	7 B	10 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
2	B B	11 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
2	9 <b>B</b>	12 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
- 3	o c	01 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
3	1 C	02 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
3	2 C	03 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
3	3 C	04 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
3	4 C	05 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
3	5 C	06 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
3	6 C	07 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
3	7 C	08 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
3	вс	09 NONE	NONE		2014-WL-	1 G5-RCT	
1 2	<u> </u>	10 NONE	NONE		2014 WT	1 CE DOT	

### 3.12 Excel 模板

在"实验"模块中,点击"Excel模板",可下载 DNA 提取信息导入模板。

### 3.13 导入 DNA 对照表

在"实验"模块中,点击"导入 DNA 对照表",弹出【DNA 提取信息导入】对话框,选择 DNA 提取信息文件,选择 DNA 号是否重复覆盖,对于要导入的 DNA 号与之前导入的 DNA 号重复,如选择"是",则后者要导入的重复的 DNA 号的信息会覆盖更新掉之前的信息,如选择"否",则后者要导入的重复的 DNA 号的信息不会被导入,保留之前导入的信息,点击"导入"后,DNA 提取信息将显示在"DNA 提取"页面中。

### 3.14 实验指纹功能

#### 3.14.1 Excel 模板

在"实验"模块中的"实验指纹功能",点击"Excel模板",可下载实验指纹数据导入模板。

#### 3.14.2 导入 Excel

在"实验"模块中的"实验指纹功能",点击"导入 Excel",弹出下图实验指纹 Excel 导入对话框,选择 Excel 文件,点击"导入",即导入的实验指纹数据显示 在"实验指纹"页面。

实验指纹Excel导入	×
* Excel文件 选择文件	
	▲ 导入 ● 模板 关闭

#### 3.14.3 导出 Excel

在"实验"模块中的"实验指纹功能",点击"导出 Excel",弹出【导出实验 库指纹信息】对话框,提供两种导出方式,样品条码号 Excel 导出和样品条码号 导出。可以按需求导出部分实验库指纹信息,也可以导出全部。

选择"样品条码号 Excel",选择样品条码号 Excel 文件,点击"导出",即可 下载导出的指纹信息表。

选择"样品条码号",输入样品条码号(此处为模糊查询,按顺序取前几位相同的字符),点击"导出",即可下载导出的指纹信息表。

注: 只能导出已审核的指纹数据。

#### 3.14.4 导入指纹包

在"实验"模块中的"实验指纹功能",点击"导入指纹包",弹出【导入实验指 纹包】对话框,选择文件,点击"导入",即导入的实验指纹包显示在"实验指 纹"页面中的指纹数据中。

注: 只能导入审核过的指纹数据。

#### 3.14.5 导出指纹包

在"实验"模块中的"实验指纹功能",点击"导出指纹包",弹出【导出实验库 指纹包】对话框,提供两种导出方式,样品条码号 Excel 和样品条码号。 选择"样品条码号 Excel"方式,选择样品条码号 Excel 文件,点击"导出", 即可下载导出的实验库指纹包。

选择"样品条码号",输入样品条码号,点击"导出",即可下载导出的实验库指 纹包。

注: 只能导出审核过的指纹数据。

### 4. 指纹

### 4.1样品审核

点击"指纹"->"样品审核",当实验指纹审核后,样品负责人就可以进行样品 审核,审核方式有五种:时间审核、批量审核、区间审核、Excel 审核,单个审 核。"平行实验组数>="此处需要选择指纹的实验员数。 时间审核页面如下图: 选择时间,选择平行实验组数,点击"审核",即可弹出审核结果页面。

		adat						•
* 8	时间范围	审核过去几月	时内上传的指	纹数据				
		2						
平行实验	2组数 >=	0	10	20	(1)	30	(f)	40
			<b>C</b> a	孩				

批量审核页面如下图:

填写样品条码号(模糊查询,按顺序取前几位相同的字符),选择平行实验组数, 点击"审核",即可弹出审核结果页面。

时间审核	批量审核	区间审	液 Excel审	核 单个审核	ξ.	
*样品	品条码号	模糊查询,女	D:BGG,SF,WE			
平行实验	组数>= 0	)i	<mark>1</mark> 0	20	30	4
			☑亩核			

区间审核页面如下图:

填写起始样品条码号和结束样品条码号,选择平行实验组数,点击"审核",即 可弹出审核结果页面。

- 11 J THE						
* #	<b>祥品条码号</b>	起始条码号		结束条码	号	
平行实	(验组数 >= 🤇	0	10	20	30	4
			<b>岱</b> 审核			

#### Excel 审核页面如下图:

下载模板,在模板中添加样品条码号,保存为另一个文件,然后选择该文件,选择平行实验组数,点击"审核",即可弹出审核结果页面。

样品条码Excel	进	择文件	未选择	任何文件			0	)下载摸	板
平行实验组数 >=	0		10	ų	20	1	30	9	4
			C	审核	ľ				

#### 单个审核页面如下图:

填写精确的样品条码号,选择平行实验组数,点击"审核",即可弹出审核结果 页面。

*样品	品条码号	精确	查询							
平行实验	俎数 >=	1 0 1	3	10	į.	20	E.	30	3	4
			1	<b>C</b> i	国核					

在指纹审核结果页面,右上角可下载自动审核和手工审核的指纹审核结果表。

■指纹审核结果											
序号	样品条码	样品名称	审核状态	位点数	差异数	缺失数	入本地指纹库	操作			
1	WE19	法玉3号	临时审核	10	0	30	成功	◎ 查看详细			
					1			运运	]录数:1		
入库条件	: 要求入本地指纹库	指纹最少位点数为10个	Ч								

可点击"查看详细",查看指纹信息,如下图:



可对指纹数据分析调整后,点击""人工审核按钮,可手动审核该指纹。

审核指纹样。	品信息(WE1	0   遵玉8-5	寻 杂交种	样品指纹库丨农	R业部品种权(	呆护)			S 🗸
样品负责人		指纹状态		审核方式	是否锁定		审核时间		操作
任洁		临时审核		自动审核	未锁定		2015-01-09 16:24:41		۰ 📋
源指纹样品(	信息(WE10	遵玉8号	杂交种 梢	品指纹库丨农业	业部品种权保?	护)			C 🗸
序号	指纹负责人			是否审核		入库时间			操作
1	任洁			已审		2015-01-09 1	5:24:41		<b>m</b>
位点统计 <b>总位点数</b>	无差异位	点数	差异位点数	差异位点			缺失位点数	缺失位点	*
40个	10	ንተ	0个				30个	P02,P04,P06,P07,P10,P1 21,P22,P23,P24,P25,P26 1,P32,P33,P34,P35,P3	2,P14,P15,P18,P19,P ,P27,P28,P29,P30,P3 6,P37,P38,P39,P40
样品指纹库	数据							所有 差异 无差异	缺失 数据不一致
序号	引物编号		引物名		🗢 🖂	临时审核		○ 🖬 任洁	
1	M P01		bnlg439w1		🕑 🖬 38	50/350		350/350	

### 4.2 样品指纹

点击"指纹"->"样品指纹",当实验指纹审核后,审核后的实验指纹将自动上 传到样品负责人管理的样品指纹模块下,在此模块中,样品负责人可对自己负责 的指纹信息进行查看和人工审核。

■ 指釘	(列表						
序号	样品条码号	样品名称 ♦	样品来源	样品类型	样品原始指纹组数	审核状态	操作
1	WE10	遵玉8号	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	•
2	WE11	万单14	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	۲
3	WE12	楚单8号	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	۲
4	WE13	黔单13	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	۲
5	WE14	黔兴4号	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	۲
6	WE15	正大188	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	۲
7	WE16	巴单5号	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	۲
8	WE17	丰玉2号	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	۲
9	WE18	蠡王26	农业部品种权保护	杂交种	1	未审核	۲
10	WE19 已提交	法玉3号	农业部品种权保护	杂交种	2	临时审核	۲
			1 2 3 4 5	6 7 > >>		j.	总记录数:91

点击" 🤍 "查看详细按钮,在显示出的详细指纹信息页面里,点击操作中的" 🧰 " 删除按钮,可删除该指纹信息。



### 4.3 样品位点统计

点击"指纹"->"样品位点统计",如下图:选择平行实验组数和样品条码 Excel 文件或者填写样品名称,点击"统计"。

样品指纹位点统i	计范围	^					
平行实验组数 >=	2 1 10 20 30	40					
样品条码Excel	选择文件 未选择任何文件 ● 下载模板						
样品名称:	<b>样品名称:</b> 模糊查找 精确查找						
	<ul><li>♂ 重置</li></ul>						
平行实验组数:表示参与实验的最少实验员数							

弹出下图实验指纹位点统计结果页面: 点击"位点模式",下载位点模式表。 点击"样品模式"。下载样品模式表。

样品指纹位点统计结果		
	● 位点模式指纹位点统计数据	
	🗼 样品模式指纹位点统计数据	

### 4.4 样品指纹功能

#### 4.4.1 导出 Excel

在"指纹"模块的"样品指纹功能",点击"导出 Excel",弹出【导出样品指 纹信息】对话框,提供两种导出方式:样品条码号 Excel 导出和样品条码号导出。可以按需求导出部分样品库指纹信息,也可以导出全部。

选择"样品条码号 Excel",选择样品条码号 Excel 文件,点击"导出",即可 下载导出的样品库指纹信息。

选择"样品条码号",输入样品条码号(此处为模糊查询,按顺序取前几位相同 的字符),点击"导出",即可下载导出的样品库指纹信息。 注:只可导出已审核的样品指纹信息。

#### 4.4.2 导出指纹包

在"指纹"模块的"样品指纹功能",点击"导出指纹包",弹出【导出样品指纹 库指纹包】对话框,提供两种导出方式:样品条码号 Excel 和样品条码号。 选择"样品条码号 Excel"方式,选择样品条码号 Excel 文件,点击"导出",即可下载导出的样品库指纹包。

选择"样品条码号",输入样品条码号,点击"导出",即可下载导出的样品库指纹包。

注: 只可导出已审核的样品指纹信息。

### 5. 本地库

### 5.1本地库查询

点击"本地库"->"本地库查询",此模块可查询所有审核完的样品指纹。当样品负责人对指纹审核后,审核后的指纹数据将自动提交到本地库中,样品负责人只可对自己负责的指纹进行查看、锁定和删除指纹信息,对其他样品负责人负责的指纹只能查看。ssr管理员可以解锁。

📕 本地	出指纹库指纹列表												
序号	样品条码号	样品名称 ↓	样品来源		÷	样品类	き型	÷	样品负责人	⇒	审核状态	锁定状态	操作
1	WE19	法玉3号	农业部品种权	保护		杂交种	1		任洁		临时审核	未锁定	👁 🔒 💼
				<<	< 15	16	17	18	19 20				总记录数:191

### 5.2 本地库指纹功能

#### 5.2.1 导出 Excel

在"本地库"模块的"本地库指纹功能",点击"导出 Excel",弹出【导出本 地库指纹信息】对话框,提供两种导出方式:样品条码号 Excel 导出和样品条码 号导出。可以按需求导出部分本地库指纹信息,也可以导出全部。

选择"样品条码号 Excel",选择样品条码号 Excel 文件,点击"导出",即可 下载导出的本地库指纹信息。

选择"样品条码号",输入样品条码号,此处为模糊查询,点击"导出",即可 下载导出的本地库指纹信息。

#### 5.2.2 导出指纹包

在"本地库"模块的"本地库指纹功能",点击"导出指纹包",弹出【导出本地 库指纹包】对话框,提供两种导出方式:样品条码号 Excel 和样品条码号。 选择"样品条码号 Excel,选择样品条码号 Excel 文件,点击"导出",即可下 载导出的本地库指纹包。

选择"样品条码号",输入样品条码号,点击"导出",即可下载导出的本地库指 纹包。

# 6.比对

### 6.1全库比对

点击"比对"->"全库比对",在全库比对条件,选择最大差异位点数、最小比较 位点数、样品类型(自交系或杂交种);在待比样品范围中,选择待比库(实验 指纹库、样品指纹库或本地指纹库),填写样品条码号(分为模糊查询和精确查 询),或者选择样品条码 Excel,或者填写样品名称(模糊查询和精确查询),或 者填写样品来源(模糊查询);在对比样品范围中,选择对比库(实验指纹库、 样品指纹库或本地指纹库),填写样品条码号(分为模糊查询和精确查询),或者 选择样品条码 Excel,或者填写样品名称(模糊查询和精确查询),或者填写样品 来源(模糊查询)。另外在待比样品范围和对比样品范围中填写【样品条码号(剔 除)】,可对上述条件提供的比对范围再次过滤去除此处填写的样品条码号所包含 的样品,此处可按照实际工作需求可填可不填。

全库比对条件	ŧ .	^
最大差	<b>异位点数</b> 0 10 20 30 40 杂交种	•
最小比	<b>疫位点数</b> 0 10 20 30 40	
待比样品范围		^
待比库	实验指纹库 -	
样品条码 号	模糊查找,格式:BGG,SF,WE 精确查找,格式:B	G
祥品条码 号(剔除)	模糊查找,格式:BGG,SF,WE 精确查找,格式:B	G
样晶条码 Excel	选择文件 未选择文件 × ❷下载模板	
样晶名称	模糊查找,格式:郑单,京科,甜糯 精确查找	
样品来透	模糊查找	
对比样品范围	3	^
对比库	实验指纹库 -	
样品条码 号	模糊查找,格式:BGG,SF,WE 精确查找,格式:B	G
样品条码 号(剔除)	模糊查找,格式:BGG,SF,WE 精确查找,格式:B	G
样品条码 Excel	选择文件 未选择文件 🗙 🛛 下载模板	
样晶名称	模糊查找,格式:郑单,京科,甜糯	
样品来渡	模糊查找	
	び 比対 重置	

注意:只有已审核(正式审核或临时审核状态)指纹才能参与比对!

上述信息选择和填写完毕后,点击"比对",即弹出比对结果页面,如下图:

	■ 全库比对结果列表 ② 成功 C 入库								
序号	样品条码号	样品名称	样品来源	样品条码号 🕴	样品名称♦	样品来源	比对位点数 🕴	差异位点数 🕴	操作
1	MG86	金岛HD9078	2014年国家区试东华北玉米一组	MG116	豫禾60 <b>1</b>	2014年国家区试东华北玉米三组	39	12	۲
2	MG86	金岛HD9078	2014年国家区试东华北玉米一组	MG121	MC703	2014年国家区试东华北玉米三组	39	12	۲
3	MG86	金岛HD9078	2014年国家区试东华北玉米一组	MG126	金园177	2014年国家区试东华北玉米组	39	12	۲
4	MG86	金岛HD9078	2014年国家区试东华北玉米一组	MY41	合302	2014年国家区试东北早熟组预试	39	17	۲
5	MG86	金岛HD9078	2014年国家区试东华北玉米一组	MY51	CH158	2014年国家区试东北早熟组预试	39	19	۲
6	MG89	秋丰768	2014年国家区试东华北玉米一组	MG91	HN887	2014年国家区试东华北玉米一组	40	11	۲
7	MG89	秋丰768	2014年国家区试东华北玉米一组	MG100	<u>正</u> 成018	2014年国家区试东华北玉米二组	40	15	۲
8	MG89	秋丰768	2014年国家区试东华北玉米一组	MG101	农单476	2014年国家区试东华北玉米二组	40	10	۲
9	MG89	秋丰768	2014年国家区试东华北玉米一组	MG102	蒙育806	2014年国家区试东华北玉米二组	40	10	۲
10	MG89	秋丰768	2014年国家区试东华北玉米一组	MG106	联创808	2014年国家区试东华北玉米二组	39	16	۲
			< < 1	2 3 4	5 6	7 > >>		Hina Hina	

在比对结果页面,点击右上角"成功",可下载比对结果 Excel 表。



点击" <sup>11 人库</sup>"入库按钮,弹出提示对话框

可将所有无差异指纹比对结果直接入比对结果库。如果比对结果有差异,则不能 直接入比对结果库,对提示对话框点击"确定"后,弹出另一提示对话框:

#### 无符合条件指纹比对结果!

🔜,此现象则可手动入比对结果库,点击" 🥯 "

查看当前比对结果详细信息按钮,弹出如下图比对数据详细页面(包括样品描述, 位点统计和实验指纹数据是否有差异,是否缺失等信息)。可对指纹数据对比情 况进行人工修改,最后点击"入结果库",该信息进入到"比对结果库"中。

样品	描述									ف	8 C 🗸
序号	样品条码号	样品名称	样品类型	指纹库	样品来源			X	审核状态		操作
1	MG13	EF4546	杂交种	实验指纹库	2014年国家区试东南玉米组		任洁		临时审核 (自动)	軍核	۲
2	MG49	吉东81	杂交种	实验指纹库	2014年国家区试东北中熟玉米组		任洁		临时审核 (自动)	軍核	۲
位点统计											
总位点	<b></b> 教	无差异位点数	差异位点数	差异位点		缺失位点数	t	缺失位点	i		
	40个	0个	10个	P01,P03,P0	5,P08,P09,P11,P13,P16,P17,P2 0	301	ᡎ	P02,P04,P06,P07,P10,P12,P14,P15,P18 21,P22,P23,P24,P25,P26,P27,P28,P29,F 1,P32,P33,P34,P35,P36,P37,P38,P39		,P18,P19,P P29,P30,P3 ,P39,P40	
指纹	数据						ßi	有 差异	无差异 缺失	不一致	无法判定
序号	🖾 引牌	物编号	引物名		MG13	MG49			差异		
1	P0:	1	bnlg439w1		350/350	<b>M</b> 344/3	344/350		差异		•
2	P02	2	umc1335y5		/	/	/		缺失		•
3	P0:	3	umc2007y4		250/256	254/2	4/254		差异		-

在比对数据详细页面,可点击" 🎱 "查看原始指纹按钮,显示原始指纹信息。

点击" 🥙"相似比对结果按钮,可弹出相似比对结果,如下图:

相似比对结果							
待比指纹库	对比指纹库	指纹负责人	总位点数	差异位点数	无差异位点数	缺失位点数	操作
样品指纹库	样品指纹库	任洁	39	12	27	1	Ø
样品指纹库	样品指纹库	任洁	39	12	27	1	ß

点击相似比对结果页面中的" "互比按钮,可显示出该样品和比对结果信息的互比情况。

### 6.2疑似比对

点击"比对"->"疑似比对",在疑似比对条件中,选择最大差异位点数、最小 比较位点数、样品类型(自交系或杂交种);在待比样品范围中,选择待比库(实 验指纹库、样品指纹库或本地指纹库),填写样品条码号(分为模糊查询和精确 查询),或者选择样品条码 Excel,或者填写样品名称(模糊查询和精确查询), 或者填写样品来源(模糊查询);在对比样品范围中,选择对比库(实验指纹库、 样品指纹库或本地指纹库),填写样品条码号(分为模糊查询和精确查询),或者 选择样品条码 Excel,或者填写样品名称(模糊查询和精确查询),或者 填写样品条码 Excel,或者填写样品名称(模糊查询和精确查询),或者填写样品 来源(模糊查询)。另外在待比样品范围和对比样品范围中填写【样品条码号(剔 除)】,可对上述条件提供的比对范围再次过滤去除此处填写的样品条码号所包含 的样品,此处可按照实际工作需求可填可不填。

65

疑似比对条件	<del>+</del>	^
) 异芜大量 [点	từ 5 0 10 20 30 40	杂交种 -
最小比较( 点	\$2 €2 0 10 20 30 4	0
待比样品范围	<b>毛</b>	^
待比库	实验指纹库 -	
样品条码 号	模糊查找,格式:BGG,SF,WE	精确查找,格式:BG
样品条码 号(剔除)	模糊查找,格式:BGG,SF,WE	精确查找,格式:BG
样晶条码 Excel	选择文件 未选择文件 🗙	●下载模板
样晶名称	模糊查找	精确查找
样品来渡	模糊查找	
对比样品范围		^
对比库	实验指纹库 -	
样品条码 号	模糊查找,格式:BGG,SF,WE	精确查找,格式:BG
样品条码 号(剔除)	_ 模糊查找,格式:BGG,SF,WE	精确查找,格式:BG
样晶条码 Excel	选择文件 未选择文件 🗙	●下载模板
样晶名称	模糊查找	精确查找
样品来透	模糊查找	
	比对重置	

**注意:**只有已审核(正式审核或临时审核状态)指纹才能参与比对!

点击"比对",即弹出比对结果页面,比对结果操作,请参考上述"全库比对"。

### 6.3 同名比对

点击"比对"->"同名比对",此同名比对需要在"同物异名查询"模块中有相对 应的数据。在同名比对条件中,选择差异位点数、比较位点数、样品类型(自交 系或杂交种);在待比样品范围中,选择待比库(实验指纹库、样品指纹库或本 地指纹库),或者选择样品条码 Excel,或者填写样品名称(模糊查询和精确查询), 或者填写样品来源(模糊查询);在对比样品范围中,选择对比库(实验指纹库、 样品指纹库或本地指纹库),或者选择样品条码 Excel,或者填写样品名称(模糊 查询和精确查询),或者填写样品来源(模糊查询)。另外在待比样品范围和对比 样品范围中填写【样品条码号(剔除)】,可对上述条件提供的比对范围再次过滤 去除此处填写的样品条码号所包含的样品,此处可按照实际工作需求可填可不 填。

同名比对条件	ŧ	^
最小差异位 点数	0 0 10 20 30 40 杂	交种 -
最小比较位 点数	0 10 20 30 40	
待比样品范围		^
待比库	实验指纹库 -	
样品条码 号	模糊查找,格式:BGG,SF,WE	精确查找,格式:BG
样品条码 号(剔除)	模糊查找,格式:BGG,SF,WE	精确查找,格式:BG
样品条码 Excel	洗择文件 未选择文件 🗙	<ul> <li>●下载模板</li> </ul>
样品名称	模糊查找,格式:郑单,京科,甜糯	精确查找
样品来渡	模糊查找	
对比样品范围	5	^
对比库	实验指纹库 -	
样品条码 号	模糊查找,格式:BGG,SF,WE	精确查找,格式:BG
样品条码 号(剔除)	模糊查找,格式:BGG,SF,WE	精确查找,格式:BG
样品条码 Excel	洗择文件 未选择文件 🗙	● 下载模板
样品名称	模糊查找,格式:郑单,京科,甜糯	精确查找
样品来渡	模糊查找	
	比对 重置	

注意:只有已审核(正式审核或临时审核状态)指纹才能参与比对!

点击"比对",即弹出比对结果页面,比对结果操作,请参考上述"全库比对"。

### 6.4 范围内比对

点击"比对"->"范围内比对",在范围内比对条件中,选择最小比较位点数、 指纹库(实验指纹库、样品指纹库或本地指纹库)和比对 Excel 文件,点击"比 对",即弹出比对结果页面。比对结果操作,请参考上述"全库比对"。

范围内比对条件					
最小比较位点数	0 0 10 20 30 40 实验指纹库 ▼				
比对Excel文件	→ 送择文件 未选择任何文件 ● 下载模板				
比对重置					
注意:只有已审核(正式审核或临时审核状态)指纹才能参与比对!					

## 6.5 自定义比对

点击"比对"->"自定义比对",在自定义比对条件中,选择最小比较位点数、 待比库(实验指纹库、样品指纹库或本地指纹库)、对比库(实验指纹库、样品 指纹库或本地指纹库)和比对 Excel 文件,点击"比对",即弹出比对结果页面。 比对结果操作,请参考上述"全库比对"。

自定义比对条件				
最小比较位点数	0 1 10 20 30 40			
待比库	实验指纹库			
对比库	实验指纹库			
比对Excel文件	- 选择文件 → 未选择任何文件			
	此对重置			
<b>注意:</b> 只有已审核(正式审核或临时审核状态)指纹才能参与比对!				

### 6.6 比对结果库

点击"比对"->"比对结果库",在此功能页面,可显示出所有指纹数据的比对结果。
■ 指约	t结果库列表							\$	*	R	Ô
序号	样品条码号 ♦	样品名称	样品来源	比对位点数	差异位点数	归档号	创建人	创建时间 🔹	操作	F	
1	MV48 实验检察库 MX14 样品能效库	京科糯369 京科糯369	2015年鲜食玉米部绿色通道试验 2014年国家区试北方杠玉米组	40	1		任洁	2015-02-09 16:53:40	۲	٠	Î
2	MV48 实验检察 MB21 样品检察	京科糯369 京科糯369	2015年鲜食玉米部绿色通道试验 2014年北京糯玉米区试	40	1		任洁	2015-02-09 16:52:53	۲	٠	â
3	MV48 突縮能效库 LB19 样品能效库	京科糯369 京科糯369	2015年鲜食玉米部绿色通道试验 2013年北京区试糯玉米组	40	0		任洁	2015-02-09 16:51:54	۲	٠	â
4	MV46 实验能效库 MV47 实验能效库	京科糯929 京科糯929	2015年鲜食玉米部绿色通道试验 2015年鲜食玉米部绿色通道试验	40	0		任洁	2015-02-09 16:46:58	٢	•	â
5	MV46 实验指纹库 MT36 样品指纹库	京科糯929 京科糯929	2015年鲜食玉米部绿色通道试验 2014年天津糯玉米区试	40	1		任洁	2015-02-09 16:45:40	۲	•	Ē

在比对结果列表中,勾选比对结果的序号,然后点击" S" "批量关联归档号按钮,弹出如下图关联归档号对话框,输入归档号,点击"关联",即指纹结果库列表中的【归档号】显示出归档号(归档号可以重复,以至于一个报告可以关联多个比对结果)。

关联归档号		×
*归档号	归档号	
	<b>多</b> 关联	<b>×</b> 关闭

关联归档号后,点击"<sup>∞</sup>"查看比对结果信息按钮,可显示出比对结果信息。如 下图所示:

样品打	苗述													8	8 C 🗸
序号	样品条码号	样品名利	ř	样品类型	指纹库 样品		羊品来源			指纹负责人 审		审核状态		操作	
1	MG86	金岛HDS	9078	杂交种	样品指纹库 2	2014年国家区试东华北玉米一组				任洁		临时审核	自动审核	3	۲
2	MG116	豫禾 <mark>601</mark>		杂交种	样品指纹库 2	2014年国家区试东华北玉米三组		任洁		正式审核	(自动审核	3	۲		
位点线	充计														*
总位点	数 无差异位	点数	差异位	人数	差异位点		无法判定位点数	无	法判定位点		缺失任	這數		缺失位	点
40个	27个		12-	PC ۲	1,P06,P09,P10,P13, 5,P21,P22,P23,P30,P 1,P36	.P1 '3	0个				1	Ŷ		P02	
指纹药	数据									þ	i有 差异	无差异	缺失	不一致	无法判定
序号	🔛 引物编号		i	引物名			MG86		MG116			差异			
1	P01		bnlg439w1			■ 350/352 ■ 350/3		0		差异	2		-		
2	P02			umc1335y5		/-			241/241			缺失	:		•
3	P03			umc2007y4		R	250/256		250/256			无差	异		•
4	P04			bnlg1940k7			358/358		<b>I</b> 358/358			无差	异		-

可对无法判定的位点进行人工判定,再次点击"入结果库",可覆盖之前未关联 报告的该两个指纹的比对结果:如果之前该两个指纹的比对结果已关联报告,则 重新生成一条比对结果。

点击缺失位点的"原始指纹图谱",如下图所示,若缺失位点上有显示图谱,则 可对缺失位点进行人工编辑: 若缺失位点上没有图谱,则不能编辑缺失位点。



查看缺失位点有原始图谱,如下图点击"编辑"按钮,弹出原始指纹列表,选择 原始指纹,点击"确认"。再根据情况,修改是否差异或无法判定。



点击" 🥙 "相似比对结果按钮,可弹出相似比对结果,如下图:

相似比对结果							
待比指纹库	对比指纹库	指纹负责人	总位点数	差异位点数	无差异位点数	缺失位点数	操作
样品指纹库	样品指纹库	任洁	39	12	27	1	Ø
样品指纹库	样品指纹库	任洁	39	12	27	1	Ø

点击相似比对结果页面中的" 🧭 "互比按钮,可显示该样品和比对结果信息的

互比情况。

在比对结果列表中,点击"<sup>2</sup>"打印比对结果信息按钮,即可显示出如下图打印页面:点击"打印",即可打印出检验结果报告。

检验结	结果条码号:	MWI	.1400012						
				样品	描述				
序号	样品条码	号	样品名称		梢	品来源	i		样品类型
1	MG102	2	蒙育 <mark>8</mark> 06	2014年国家区试东华北玉米二组					杂交种
2	MG10:	1	农单476	20	2014年国家区试东华北玉米二组				杂交种
	位点统计								
比对	位点数	Ż	经异位点数	无差异位点数 无法判定位点数 缺失位点数				快失位点数	
	40		1	9	)	0			30
	指纹数据								
序号	引物编	묵	引物	物名 MG102 MG101			是否差异		
1	P01	01 bnlg439w1 350/350 350/350		350/350		350/350		无差异	
2	P02 umc133		5y5 252/2		252/		/		
3	P03		umc200	)7y4	250/2	256	250/256		无差异
4	P04	P04		10k7	358/3	358	8/		缺失
5	P05		umc210	)5k3	291/3	330	291/336		差异
6	P06	_	phi053	3k2	336/3	362	/		缺失
7	P07		phi072	2k4	411/4	411	/		缺失

在比对结果列表中,勾选比对结果的序号,然后点击"<sup>≫</sup>"批量解除关联归档号按钮,可批量解除关联归档号。

点击" Խ "条件导出真实性检验结果按钮,可下载导出真实性检验结果。

勾选比对结果,点击页面右上角" " 批量删除按钮,即可批量删除比对结果。 点击单个比对结果中的" " 删除按钮,即可删除该比对结果。

## 7.鉴定

## 7.1亲子鉴定

点击"鉴定"->"亲子鉴定",页面显示出亲子鉴定功能。选择最小指纹位点数,选择最大不匹配位点数,填写亲本条码号和子本条码号,点击"亲子鉴定",即显示出亲子鉴定结果页面,可查看详细鉴定信息,也可下载亲子鉴定结果 Excel 文件。

是小指统位占数	20										
HK J JB-KLLmXX	Ó		10		20		30		40		
最大不匹配位占数	0										
ACCO PERIOD	) 0		10		20		30		40		
亲本条码号	模糊,林	答式:BGC	G,SF,WE			青确					
子本条码号	模糊,林	答式:BGC	G,SF,WE			青确					
		ſ	C 亲子:		f 晋						
		1	·····								

## 7.2样本寻亲

点击"鉴定"->"样本寻亲",页面显示出样本寻亲功能。选择最小指纹位点数,选择最大不匹配位点数,填写亲本1条码号和亲本2条码号以及子本条码号,点击"样本寻亲",即显示出样本寻亲结果页面,可查看详细信息,也可下载样本寻亲结果 Excel 文件。

	20										
最小指纹位点数	Ó		10		20		30		40		
最大不匹配位点数	0		10	1	20		30		40		
亲本1条码号	模糊	ll,格式:B(	GG,SF,WE			清确					
亲本2条码号	模糊	l],格式:B(	GG,SF,WE			清确					
子本条码号	模糊	刖,格式:B(	GG,SF,WE			清确					

<b>注意:</b> 1、条码号皆为样本条码号! 2、使用本地库的指纹数据!
--