

# SureSelect DNAキャプチャ カスタムデザイン操作法

SureDesign version 3.0 (日本語版)

2015/04/15

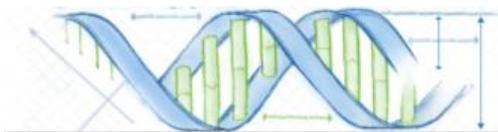
予告無くソフトウェアのアップデートを行う場合があります。そのため、本資料とソフトウェア画面が異なる場合があります。ご了承ください。

最新資料ダウンロードサイト; <http://www.chem-agilent.com/contents.php?id=1002474>



# 目次

1. 用語と定義
2. カスタムデザイン作成開始の前に
3. スタンダードウィザードによるカスタムデザイン作成
  1. デザインの定義
  2. ターゲットの定義
  3. ターゲットの確認
  4. パラメータの入力
  5. プローブデザインの確認
  6. ファイナライズ
4. カスタムデザインのオーダー
5. お問い合わせ先



# 1. 用語と定義

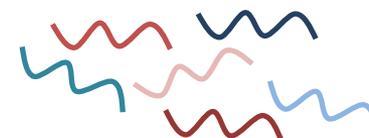
## • プローブ (ベイト)

- ゲノムのターゲット領域に相補的な配列をもつ、120baseの長さのシングルオリゴヌクレオチド



## • プローブグループ

- ターゲット領域にデザインされたプローブのグループ



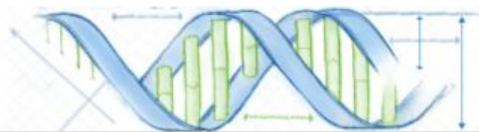
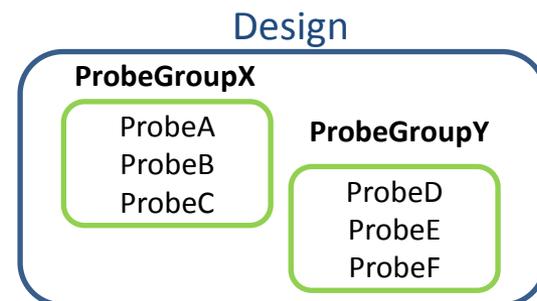
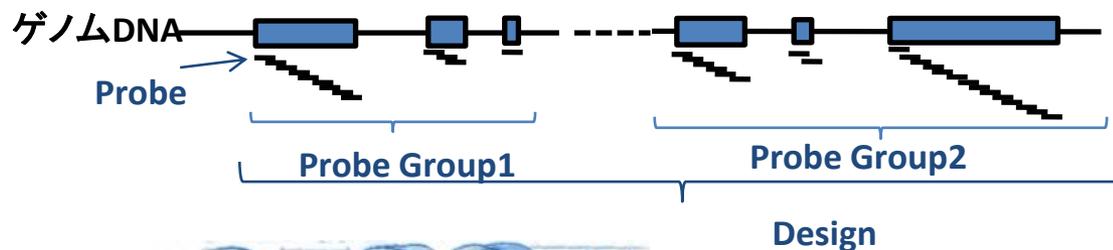
## • デザイン

- ひとつ、もしくは複数のプローブグループから成るひとつのライブラリとして製造されるオリゴのセット



## • プローブ, プローブグループ, デザインの関係

- デザインにはプローブグループ単位で、ターゲット領域をカバーするプローブ群を追加します。一つのデザインには複数のプローブグループを追加することが可能です。



# 1. 用語と定義

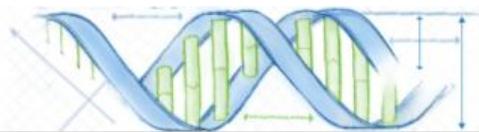
## • デザインID

- SureSelectデザインのID番号です。この番号により、個々のデザインが認識されます。SureDesignから情報を得るときや、オーダーの際に必要な番号で重要な情報です。カスタムライブラリを作成してオーダーする際は、必ずこの番号を記録しておくようにします。

## • 一つのデザインに搭載できるプローブ数について

- SureSelectのプローブはまずアレイとして製造され、アレイから切り離されてビオチン化RNAに転写されます。アレイ1枚に搭載できるスポット数は57,680です。デザインはキャプチャサイズやプローブ数によって5つの価格帯に区分されます。

- Tier1; 1 - 499 Kbp (57,680プローブ以下であること)
- Tier2; 0.5 - 2.999Mbp (57,680プローブ以下であること)
- Tier3; 3.0 - 5.999 Mbp (57,680プローブ以下であること)
- Tier4; 6.0 - 11.999 Mbp (115,360 プローブ以下であること)
- Tier5; 12.0 - 24Mbp (230,720プローブ以下であること)



## 2. カスタムデザイン作成開始の前に

### スタンダードウィザードとアドバンスドウィザード

SureDesignには2つのカスタム作成ウィザードがあります。

□ スタンダードウィザード (“アドバンスドオプションの表示”がチェックされていない状態)

- ・標準的な条件でプローブを設計
- ・1つのプローブグループからデザインを作成

→ 本資料をご覧ください

□ アドバンスドウィザード (“アドバンスドオプションの表示”がチェックされている状態)

- ・条件を変更してプローブを設計
- ・複数のプローブグループ、または複数のデザインを組み合わせるデザインを作成
- ・独自のプローブをUploadしてデザインを作成

→ 別資料「[SureSelectターゲットエンリッチメントシステム アドバンスドオプションによるカスタムデザイン作成ガイド](#)」をご覧ください。

<http://www.chem-agilent.com/contents.php?id=1002474>

SureDesign

ホーム デザインの検索 デザイン作成

デザインの開始

SureSelect DNA HaloPlex CGH ChIP CustomFISH SureGuide OneSeq

アドバンスドオプションの表示

SureDesign

SureSelect DNAキャプチャカスタムデザインガイド

## 2. カスタムデザイン作成開始の前に

### OneSeq

SureDesign 3.0から追加されたOneSeqは、従来のSureSelect DNAキャプチャで可能であったSNVとInDelと同時に、コピー数変化(CNV)とLOHを検出可能にする製品です。12 Mbまでのカスタムプローブを自由に選択・設計し、CNVとLOHをゲノムワイドに検出するためのBackboneプローブ(12 Mb)にカスタムデザインとして追加できます。

OneSeq用カスタムプローブは、従来のSureSelect DNAキャプチャ用カスタムライブラリ作成と同一の手順で予めカスタムデザインを作成した後に、OneSeq用CNV Backboneに追加します。追加するカスタムデザインの作成は、本資料を参照して下さい。作成後の追加の手順は「[アドバンスドオプションによるカスタムデザイン作成ガイド](#)」を参照して下さい。

ファイナライズされ、デザインIDが発行された状態のライブラリしか追加できません。プローブグループや作成途中のライブラリは追加できませんのでご注意ください。

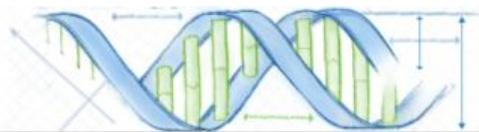
CNV Backbone  
プローブ  
(12 Mb)

変更不可



追加カスタム  
デザイン  
(12 Mbまで)

自由に設計可能



### 3. スタンダードウィザードによるカスタムデザイン作成

【アドバンスドオプション】からチェックが外れている状態で、【ホーム】タブのSureSelect DNA、もしくは【デザイン作成】タブのSureSelect DNAをクリックしてウィザードを開始します。



#### SureDesign

SureSelect DNA

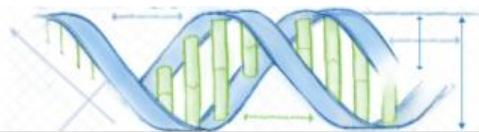
デザインの定義

##### ▶ デザインの定義

- ターゲットの定義
- ターゲットの確認
- パラメータの入力
- プローブの選択
- ファイナライズ

#### カスタムデザイン作成の流れ

- デザインの概要決定
- ターゲット領域の決定
- ターゲット領域のレビュー
- デザインパラメータの設定
- デザインに入れるプローブの選択
- ファイナライズ



# 3-1. デザインの定義

## SureDesign

SureSelect DNA

デザインの定義

### ▶ デザインの定義

ターゲットの定義

ターゲットの確認

パラメータの入力

プローブの選択

ファイナライズ

### SureSelect デザイン

名前: NA

生物種: NA

ターゲット領域

デザイン名を入力します。

\* デザイン名:

\* 生物種:

選択

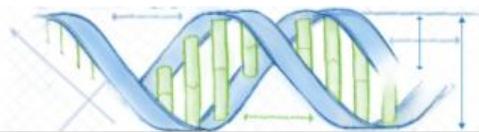
ビルド: H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009

\* 作成先フォルダ:

選択

生物種を選択します。  
選択した生物種のゲノムのBuildが表示されます。

これから作成するデザインを入れるフォルダを選択します。  
【選択】をクリックして、新しくフォルダを作成することもできます。



## 3-2. ターゲットの定義

ターゲットとする遺伝子または領域を、ここに示されたいずれかの形式で直接入力します。

- GeneID (推奨)
- GeneSymbol, AccessionID
- SNP ID
- 位置情報
- アノテーション付き位置情報

ターゲットをリストしたテキストファイルをアップロードすることも可能です。

画面に直接入力できる検索項目は**500個以下**です。500個を超える場合、ターゲットをリストしたテキストファイルをアップロードする必要があります

デザインの設定 ✓

▶ ターゲットの定義

ターゲットの確認

パラメータの入力

プローブの選択

ファイナライズ

SureSelect デザイン

名前: Oncogene1

生物種: H. sapiens

ターゲット領域

領域数: NA

サイズ: NA

プローブ

プローブ数: NA

サイズ: NA

価格の階層: ① NA

カバレッジ: NA

UCSC View ダウンロード

\*ターゲット:

```
# Enter gene IDs, gene symbols, or accessions.  
# SureDesign will map these identifiers to genomic locations  
# using the parameters below, then select probes from the  
# reference genome that match the locations.  
SMAD4  
NM_005359  
ENST00000342988  
CCDS11950  
4089  
  
# Enter UCSC browser or BED coordinates  
chr18:48573407-48573675  
chr18 48573406 48573675  
  
# Enter coordinates with identifiers  
chr18:48575655-48575704 MyGene1
```

\*データベース

RefSeq

Ensembl

CCDS

Gencode

VEGA

SNP

キャプチャしたい領域

コーディングエクソン

コーディングエクソン+UTR

全転写領域  5' UTR  3' UTR

隣接領域を含む:

3' : 10 bp 5' : 10 bp

Allow Synonyms

アップロード

クリア

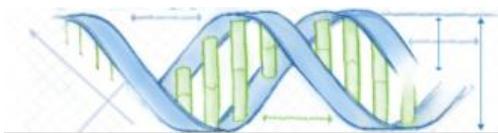
キャンセル 戻る 次へ

参照データベースを選択します。

どの領域をターゲットとするのかを選択します。

その領域の両側をどれだけ拡張してキャプチャするかを選択します。

※詳細は次ページ以降を参照



## 3-2. ターゲットの定義 遺伝子名、アクセッションIDでの直接入力

\*ターゲット:

BRCA1

アップロード

例

### 遺伝子の指定方法

	(例)
• Gene ID	4089
• Gene Symbol	SMAD4
• RefSeq	NM_005359
• Ensemble	ENST00000342988
• CCDS	CCDS11950
• VEGA	OTTHUMT00000255993
• Gencode	ENST00000342988
• SNP	RS3740345

クリア

-形式が混在していてもかまいません。

Gene IDを利用すると、選択したデータベースに登録されているIsoformを網羅し、かつSynonymの影響を避けることができます。

-直接入力できるターゲットは500個までです。  
500個を超える場合は次ページを参照してテキストファイルをアップロードして下さい。

\*データベース

- RefSeq
- Ensembl
- CCDS
- Gencode
- VEGA
- SNP

キャプチャしたい領域

- コーディングエクソン
- コーディングエクソン+UTR
- 全転写領域  5' UTR  3' UTR

隣接領域を含む:

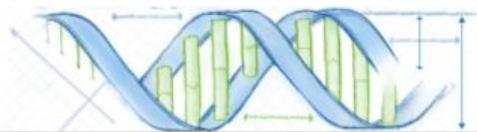
3' :  bp 5' :  bp

Allow Synonyms

### Allow Synonym

ここにチェックを入れると、Synonymも含めたデザインになります。

不要な遺伝子も入ってしまう可能性もあることにご注意ください。



## 3-2. ターゲットの定義 遺伝子名、アクセッションIDのアップロード

\*ターゲット:

```
# Enter gene IDs, gene symbols, or accessions.
# SureDesign will map these identifiers to genomic locations
# using the parameters below, then select probes from the
# reference genome that match the locations.
SMAD4
NM_005359
ENST00000342988
CCDS11950
4089

# Enter UCSC browser or BED coordinates
chr18:48573407-48573675
chr18 48573406 48573675

# Enter coordinates with identifiers
chr18:48575655-48575704 MyGene1
```

\* データベース

- RefSeq
- Ensembl
- CCDS
- Gencode
- VEGA
- SNP

キャプチャしたい領域

コーディングエクソン  
 コーディングエクソン+UTR  
 全転写領域

5' UTR  3' UTR

隣接領域を含む:  
3':  bp 5':  bp

Allow Synonyms

アップロード

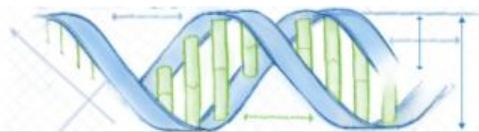
例

テキストファイルをアップロードする場合  
の入力例 (GeneSymbol)

それぞれのGeneSymbolが異なる  
行に記載されている必要があります。  
ファイルは**タブ区切りテキスト  
ファイル**として保存してください。  
カンマなどの記号は使用できません。  
ターゲット数の上限は80,000個です。

	A
1	AKT2
2	APC
3	BCL3
4	BCR
5	BRCA1
6	BRCA2
7	CBL
8	CCND1
9	CDK4
10	CSF1R
11	DCC
12	E2F1
13	EGFR
14	ELK1
15	ELK3

まず【**アップロード**】をクリックし、続けて【**参照**】を  
クリックして【**アップロードするファイル**】を選択します



## 3-2. ターゲットの定義

### ターゲットの位置情報での直接入力

#### 位置情報のフォーマット

下記AまたはBのいずれかのフォーマットで入力します。  
**フォーマットから、塩基の数え方が判断されます。フォーマットが異なると、意図した領域と1 bpずれが生じますのでご注意ください。**

#### A: Browser format

染色体の最初の塩基を「1番目」として、何番目の塩基までという指定方法(one-based, closed)タブまたはスペースで区切って領域にIDをつけることができます。いくつかの領域に同じIDをつけることも可能です。

下記フォーマットに従い、1行に1 interval記載します。

```
chr18:48573407-48573675 MyGene1
chr18:48575046-48575240 MyGene1
```

#### B: Bed format

染色体の最初の塩基を「0番目」として扱い、終わりのポジションを1つ次の番号で指定(zero-based, half open)。タブまたはスペースで区切って4番目のカラムに領域のIDを入力することができます。いくつかの領域に同じIDをつけることも可能です。

下記フォーマットに従い、1行に1 interval記載します。

```
chr18 48573406 48573675 MyGene2
chr18 48575045 48575240 MyGene2
```

\*ターゲット:

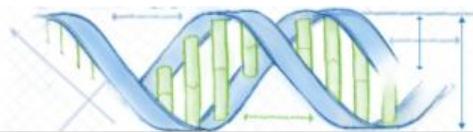
The screenshot shows the 'ターゲット' (Target) input screen. It has three main sections for inputting target information:

- # Enter gene IDs, gene symbols, or accessions.** (Example: SMAD4, NM\_005359, ENST00000342988, CCDS11950, 4089)
- # Enter UCSC browser or BED coordinates** (Example: chr18:48573407-48573675, chr18 48573406 48573675)
- # Enter coordinates with identifiers** (Example: chr18:48575655-48575704 MyGene1)

Below these sections are two configuration panels:

- データベース (Database):** A list of databases with checkboxes: RefSeq, Ensembl, CCDS, Gencode, VEGA, and SNP. This section is highlighted with a red box.
- キャプチャしたい領域 (Region to capture):** Radio buttons for 'コーディングエクソン' (selected), 'コーディングエクソン+UTR', and '全転写領域'. There are also checkboxes for '5' UTR' and '3' UTR'. Below this are input fields for '隣接領域を含む:' (Include adjacent regions) with '3': 10 and 'bp 5': 10. There is also an 'Allow Synonyms' checkbox. This section is highlighted with a blue box.

位置情報でターゲットを入力した場合、【データベース】【キャプチャしたい領域】で設定したパラメータは反映されません。入力した位置がそのまま、プローブ設計対象となります。



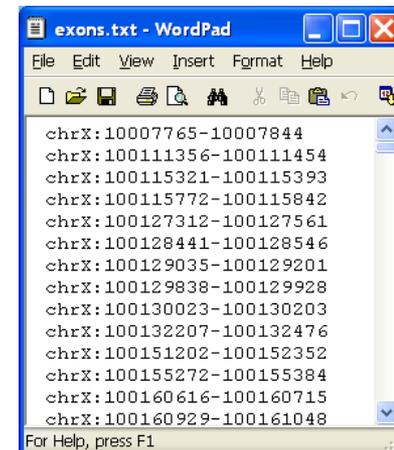
## 3-2. ターゲットの定義 ターゲットの位置情報のUpload

ターゲットの位置情報を含んだテキストファイルをアップロード

前ページを参照し、Browser formatまたはBed formatでターゲットの位置情報(Genomic interval)を含んだファイルを作成します。

それぞれのintervalは異なる行に記載されている必要があります。ファイルはテキストファイルとして保存してください。カンマなどの記号は使用できません。

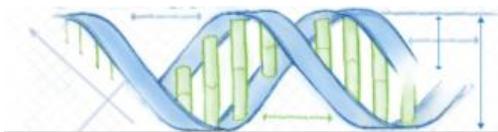
Browser formatの場合の例



```
exons.txt - WordPad
File Edit View Insert Format Help
chrX:10007765-10007844
chrX:100111356-100111454
chrX:100115321-100115393
chrX:100115772-100115842
chrX:100127312-100127561
chrX:100128441-100128546
chrX:100129035-100129201
chrX:100129838-100129928
chrX:100130023-100130203
chrX:100132207-100132476
chrX:100151202-100152352
chrX:100155272-100155384
chrX:100160616-100160715
chrX:100160929-100161048
For Help, press F1
```

まず【アップロード】をクリックし、続けて【参照】をクリックして【アップロードするファイル】を選択します

位置情報でターゲットを入力した場合、【データベース】【キャプチャしたい領域】で設定したパラメータは反映されません。入力した位置がそのまま、プローブ設計対象となります。



## 3-2. ターゲットの定義

### ターゲット遺伝子・位置情報を混在させるケース

SureSelect DNA

ターゲットの定義

デザインの定義

▶ ターゲットの定義

ターゲットの確認

パラメータの入力

プローブの選択

ファイナライズ

SureSelect デザイン

名前: Oncogene1

生物種: H. sapiens

ターゲット領域

領域数: NA

サイズ: NA

プローブ

プローブ数: NA

サイズ: NA

価格の階層: ① NA

カバレッジ: NA

UCSC View

ダウンロード

\* ターゲット:

BRCA1  
NM\_005359  
OTTHUMT00000255993  
ENST00000342988  
RS3740345  
chr18:48573407-48573675 MyGene1  
chr18:48575046-48575240 MyGene1  
chr18:48575655-48575704 MyGene1  
chr18:48577714-48577795 MyGene1  
chr18:48578995-48579032 MyGene1  
chr18:48581141-48581373 MyGene1

\* データベース

- RefSeq
- Ensembl
- CCDS
- Gencode
- VEGA
- SNP

キャプチャしたい領域

- コーディングエクソン
- コーディングエクソン+UTR
- 全転写領域

5' UTR

隣接領域を含む:

3': 10 bp 5': 10 bp

Allow Synonyms

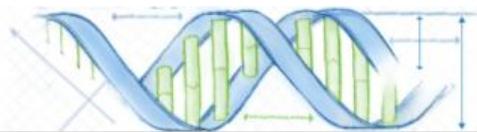
GeneSymbolやAccession IDと位置情報を、一度に入力できるようになりました。

<<重要>>

ただしこの場合、下部の【データベース】【キャプチャしたい領域】で設定される条件は、GeneSymbolやAccession ID、SNP IDで入力されたターゲットにのみ適用され、ゲノム上の位置情報で入力されたターゲットには適用されません。

クリア

例)この設定では、Gene Symbol/Accession IDに対しては コーディングエクソンに10bpずつ Flankingした領域がターゲット領域となりますが、ゲノム上の位置情報についてはその 位置情報そのものがターゲット領域となります。(位置情報内部のコーディングエクソンは検索しません。flanking設定も反映されません)



## 3-2. ターゲットの定義 データベースの選択

SureDesign

SureSelect DNA ターゲットの定義

デザインの定義 ✓

▶ ターゲットの定義

ターゲットの確認

パラメータの入力

プローブの選択

ファイナライズ

SureSelect デザイン

名前: Oncogene1

生物種: H. sapiens

ターゲット領域

領域数: NA

サイズ: NA

プローブ

プローブ数: NA

サイズ: NA

価格の階層: NA

カバーレッジ: NA

UCSC View ダウンロード

\*ターゲット:

TRNAL17  
STK17B  
C9orf133  
IL1RL1  
C14orf41  
GOA1  
SNORD116-26  
GART  
CASK  
COL27A1  
ZNF483  
SNORD33  
TRPC3  
LOC729574  
FFAR3  
OCIAD1

アップロード

例

クリア

\*データベース

RefSeq

Ensembl

CCDS

Gencode

VEGA

SNP

キャプチャしたい領域

コーディングエクソン

コーディングエクソン+UTR

全転写領域  5' UTR  3' UTR

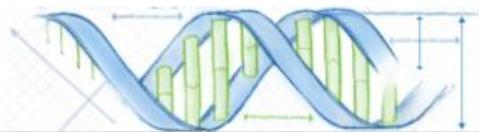
隣接領域を含む:

3' : 50 bp 5' : 50 bp

Allow Synonyms

入力したGene ID ,GeneSymbolや Accession IDに対して検索を行うデータベースを選択します。

複数のデータベースを選択した場合、この例では選択したRefSeqおよびCCDSに登録されているコーディングエクソンの位置情報をサーチして両方の情報を反映する結果が出力されます。



## 3-2. ターゲットの定義 SNPデータベースの選択

\* ターゲット:

RS10824072  
RS112643076  
RS142879319  
RS2072434  
RS2076303  
RS2277475  
RS2744380  
RS28639484  
RS336283  
RS35717505  
RS3729711  
RS3737378  
RS3740345  
RS45459491

アップロード

例

クリア

\* データベース

- RefSeq
- Ensembl
- CCDS
- Gencode
- VEGA
- SNP

キャプチャしたい領域

- コーディングエクソン
- コーディングエクソン+UTR
- 全転写領域  5' UTR  3' UTR

隣接領域を含む:

3' :  bp 5' :  bp

Allow Synonyms

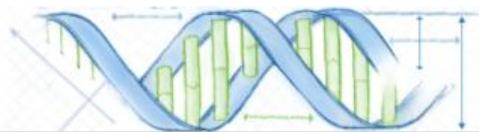
SNP IDをキャプチャのターゲットとして入力できます。

入力したSNP IDの位置情報を中心に指定した隣接領域の長さが足された領域がターゲット領域として設定され、その領域に対して、指定した条件でプローブが設計されます。例えば3'、5'側にそれぞれ10bpの隣接領域を設定した場合、SNP位置をはさんで計21bpの領域がターゲットとなります。

(Repeat Maskerとの重なりにより、ターゲット領域のサイズは若干変わる場合があります。)

なおSNPのrs IDは頻繁にUpdateされているため、Not Foundになる場合があります。その場合は、SNP位置から±10bp程度の幅をもたせたターゲット位置情報を入力ください。

(後述参照)



## 3-2. ターゲットの定義 ターゲット領域の選択

デザインの設定 ✓

▶ ターゲットの定義

ターゲットの確認

パラメータの入力

プローブの選択

ファイナライズ

SureSelect デザイン

名前: Oncogene1

生物種: H. sapiens

ターゲット領域

領域数: NA

サイズ: NA

プローブ

プローブ数: NA

サイズ: NA

価格の階層: NA

カバレッジ: NA

UCSC View

ダウンロード

\* ターゲット:

OCIAD1  
KRTAP5-7  
CWH43  
IL23R  
TBC1D9B  
C9orf24  
POLR2J2  
ARHGAP9  
ELL  
STEAP2  
NKX2-6

アップロード

例

クリア

\* データベース

RefSeq

Ensembl

CCDS

Gencode

VEGA

SNP

キャプチャ領域

コーディングエクソン

コーディングエクソン+UTR

全転写領域  5' UTR  3' UTR

隣接領域を含む:

3' : 10 bp 5' : 10 bp

Allow Synonyms

キャンセル

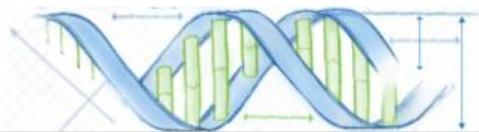
戻る

次へ

入力した遺伝子について  
選択したデータベースに登録されて  
いる位置情報をサーチします。

【ターゲット】の画面にゲノム上の位置  
情報を入力した場合は、その入力した  
位置情報がターゲットとなります。ここ  
での設定は反映されません。

詳細は次のページをご参照ください。



## 3-2. ターゲットの定義

### キャプチャしたい領域のパラメータ設定

キャプチャしたい領域

コーディングエクソン  
 コーディングエクソン+UTR  
 全転写領域  5' UTR  3' UTR

隣接領域を含む:

3':  ▼ bp 5':  ▼ bp

Allow Synonyms

#### 隣接領域を含む:

指定した領域からの延長分を0, 10, 25, 50 bpから選択できます。コーディングエクソンまたコーディングエクソン+UTRを選択したときのみ有効です。

#### キャプチャしたい領域:

入力した遺伝子について選択したデータベースに登録されている位置情報を検索します。

コーディングエクソンのみ

コーディングエクソン+5'UTR、3'UTR

全転写領域のいずれかが選択できます。

コーディングエクソン+UTRs

・5' UTR, 3' UTRのそれぞれで含めるかどうかを設定できます。

全転写領域

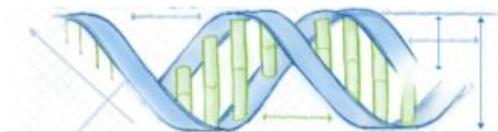
・Coding Exon, Intron, UTRをすべて含んだ領域の位置情報を検索します。

\* Non Coding RNAを検索する場合はコーディングエクソン+UTRsまたは全転写領域を選択してください。

#### Allow Synonym:

Synonymを許容するかを選択します。

不要な遺伝子も入ってしまう可能性もあることにご注意ください。



## 3-2. ターゲットの定義 設定の完了

デザインの設定

▶ ターゲットの定義

ターゲットの確認

パラメータの入力

プローブの選択

ファイナライズ

**SureSelect デザイン**

名前: Oncogene1  
生物種: H. sapiens

**ターゲット領域**

領域数: NA  
サイズ: NA

**プローブ**

プローブ数: NA  
サイズ: NA  
価格の階層: NA   
カバレッジ: NA

UCSC View    ダウンロード

\* ターゲット:

OCIAD1  
KRTAP5-7  
CWH43  
IL23R  
TBC1D9B  
C9orf24  
POLR2J2  
ARHGAP9  
ELL  
STEAP2  
NKX2-6

アップロード

例

\* データベース

RefSeq  
 Ensembl  
 CCDS  
 Gencode  
 VEGA  
 SNP

キャプチャしたい領域

コーディングエクソン  
 コーディングエクソン+UTR  
 全転写領域     5' UTR     3' UTR

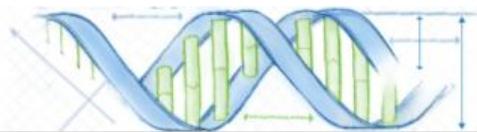
隣接領域を含む:

3': 10 bp 5': 10 bp

Allow Synonyms

設定が完了したら【次へ】をクリックします。設定条件によるサーチが開始されます。

キャンセル    戻る    次へ



# 3-3. ターゲットの確認

## Not foundになったターゲットの確認

SureSelect DNA **ターゲットの確認**

- デザインの定義 ✓
- ターゲットの定義 ✓
- ターゲットの確認**
- パラメータの入力
- プローブの選択
- ファイナライズ

**SureSelect デザイン**

名前: Oncogene1  
生物種: H. sapiens

**ターゲット領域**

領域数: 250  
サイズ: 42.075 kbp

**プローブ**

プローブ数: NA  
サイズ: NA  
価格の階層: NA  
カバーレッジ: NA

UCSC View    ダウンロード

ターゲットサマリ

- 26 個のターゲット ID に対して 19 個のターゲット (250 領域) が見つかりました。
- 7 個のターゲット ID が見つかりませんでした。

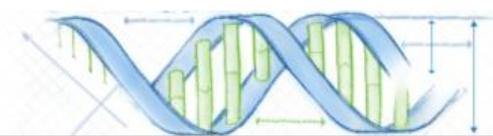
ターゲット詳細

ターゲット ID	領域数	bp	Position
SNORD33	Not found		
SNORD116-26	Not found		
C14ORF41	Not found		
ARHGAP9	17	2536	chr12:57866289-57873
C9ORF24	7	1040	chr9:34379063-343976
CASK	27	3321	chrX:41379662-41782251
COL27A1	61	6803	chr9:116918220-117072985
CWH43	16	2420	chr4:48988436-49063917
ELL	12	2106	chr19:18555551-18632875
FFAR3	1	1061	chr19:35849782-35850843
GART	21	3457	chr21:34876420-34911631
IL13L1	10	1888	chr2:102954714-102968391

Not Foundになっているターゲットの有無を【**ターゲットサマリ**】で確認し、具体的にどのTarget IDがNot Foundであるかを【**ターゲット詳細**】の画面で確認してください。

Not Foundになっているターゲットは、他の名前に変更する必要があります。【**戻る**】で元の画面に戻り、UCSCのBrowserでサーチできるIDにターゲット名を変更して再度デザインしてください。

キャンセル    戻る    次へ



# 3-3. ターゲットの確認 ターゲット領域の確認

トータルのサイズが自分の予想と大きく異なっていないかを確認します。大きく異なっている場合設定を間違えている可能性があるため、【戻る】で戻り、設定を再確認します。

**SureSelect デザイン**

名前: Oncogene1  
 生物種: H. sapiens

**ターゲット領域**

領域数: 238  
 サイズ: 39.069 kbp

**プローブ**

プローブ数: NA  
 サイズ: NA  
 価格の階層: NA  
 カバレッジ: NA

UCSC View    **ダウンロード**

ターゲットサマリ

- 18 個のターゲット ID に対して 18 個のターゲット (238 領域) が見つかりました。
- 0 個のターゲット ID が見つかりませんでした。

ターゲット詳細

ターゲット ID	領域数	bp	Position
ARHGAP9	17	2536	chr12:57866289-57873199
C9ORF24	7	1040	chr9:34379063-34397641
CASK	27	3321	chrX:41379662-41782251
COL27A1	61	6803	chr9:116918220-117072985
CWH43	16	2420	chr4:48988436-49063917
ELL	12	2106	chr19:18555551-18632875
FFAR3	1	1061	chr11:11111111-11111111
GART	21	3457	chr10:11111111-11111111
IL1RL1	10	1888	chr11:11111111-11111111
IL23R	10	2090	chr11:11111111-11111111
KRTAP5-7	1	518	chr11:11111111-11111111
NKX2-6	2	946	chr11:11111111-11111111
OCIAD1	9	950	chr4:48831111-48831111

Not Foundになったターゲットが 0 になったことを確認します。

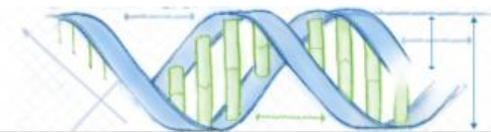
**ダウンロード**    ヘルプ - ダウンロード

ダウンロードするファイルを選択してください。

- Oncogene1
  - Oncogene1\_Regions.bed
  - Oncogene1\_Report.txt
  - Oncogene1\_Targets.txt

開じる    **ダウンロード**

デザイン結果をダウンロードして内容を確認します。



# 3-3. ターゲットの確認

## Downloadしたファイルによるターゲット領域の確認

name\_Regions.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr19:40736213-40791312				
2	track name="Target Regions"	description="Agilent SureSelect DNA"				
3	chr19	40736213	40739868	AKT2		
4	chr19	40740941	40741064	AKT2		
5	chr19	40741159	40741267	AKT2		
6	chr19	40741786	40742021	AKT2		
7	chr19	40742153	40742302	AKT2		
8	chr19	40743865	40744008	AKT2		
9	chr19	40744801	40744890	AKT2		
10	chr19	40745941	40746027	AKT2		
11	chr19	40747834	40747986	AKT2		
12	chr19	40748430	40748604	AKT2		
13	chr19	40761054	40761186	AKT2		
14	chr19	40762822	40762971	AKT2		
15	chr19	40771118	40771268	AKT2		
16	chr19	40791077	40791312	AKT2		
17	chr2	1.28E+08	1.28E+08	APC		
18	chr2	1.28E+08	1.28E+08	APC		
19	chr2	1.28E+08	1.28E+08	APC		
20	chr2	1.28E+08	1.28E+08	APC		
21	chr2	1.28E+08	1.28E+08	APC		
22	chr2	1.28E+08	1.28E+08	APC		
23	chr2	1.28E+08	1.28E+08	APC		
24	chr2	1.28E+08	1.28E+08	APC		

name\_Report.txt

9	# Design Summary				
10	Design Name: oncogene1				
11	Species: H. sapiens ( H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009 )				
12	Platform: Illumina				
13					
14	# Target Summary				
15	2193 TargetIDs resolved to 2202 targets comprising 3245 regions.				
16	0 TargetIDs were not found.				
17	Region Size: 519.012 kbp				
18					
19	# Target Parameters				
20	Databases: RefSeq,CCDS				
21	Region: Coding Exons + UTRs + 5' UTR + 3' UTR				
22	Region Extension: 10 bases from 3' end and 10 bases from 5' end.				
23					
24	# Target and Probe Details				
25	# TargetID: The identifier entered in the Targets list.				
26	# Interval: The genomic interval of the target.				
27	# Regions: The number of regions within this target.				
28	# Size: The total size (in base pairs) of the regions.				
29	# Database(s): The databases in which this target was found.				
30					
31	TargetID	Interval	Regions	Size	Databases
32	AKT2	chr19:40736213-40791312	14	5580	CCDS, RefSeq
33	APC	chr2:128170000-128170000	9	1960	CCDS, RefSeq
34	APC	chr5:112040000-112040000	18	11576	CCDS, RefSeq
35	BCL3	chr19:45250000-45250000	9	2044	CCDS, RefSeq

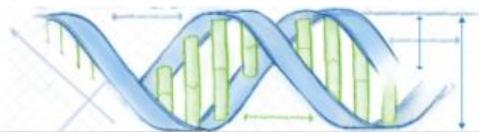
name\_Targets.txt

	A	B	C	D	E
1	# File Type: Input Targets File				
2	# Timestamp: 26-Sep-2012				
3	# User:				
4	# Created By: SureSelect DNA Standard Design Wizard				
5	# Species: (H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009)				
6					
7	AKT2				
8	APC				
9	BCL3				
10	BCR				
11	BRCA1				
12	BRCA2				
13	CBL				
14	CCND1				
15	CDK4				
16	CSF1R				
17	DCC				
18	E2F1				
19	EGFR				
20	ELK1				
21	ELK3				
22	ERBB2				
23	ERBB3				
24	ERBB4				
25	ERG				
26	ETS1				
27	ETS2				

ターゲット領域をbedファイルの形式で出力したものです。UCSCのBrowserなどで確認することができます。

ターゲット領域をサーチする条件やサーチ結果をまとめたサマリレポートです。

入力したターゲットの一覧です。ターゲットを再確認することができます。



# 3-3. ターゲットの確認

## UCSC Genome Browserによるターゲット領域の確認

SureDesign

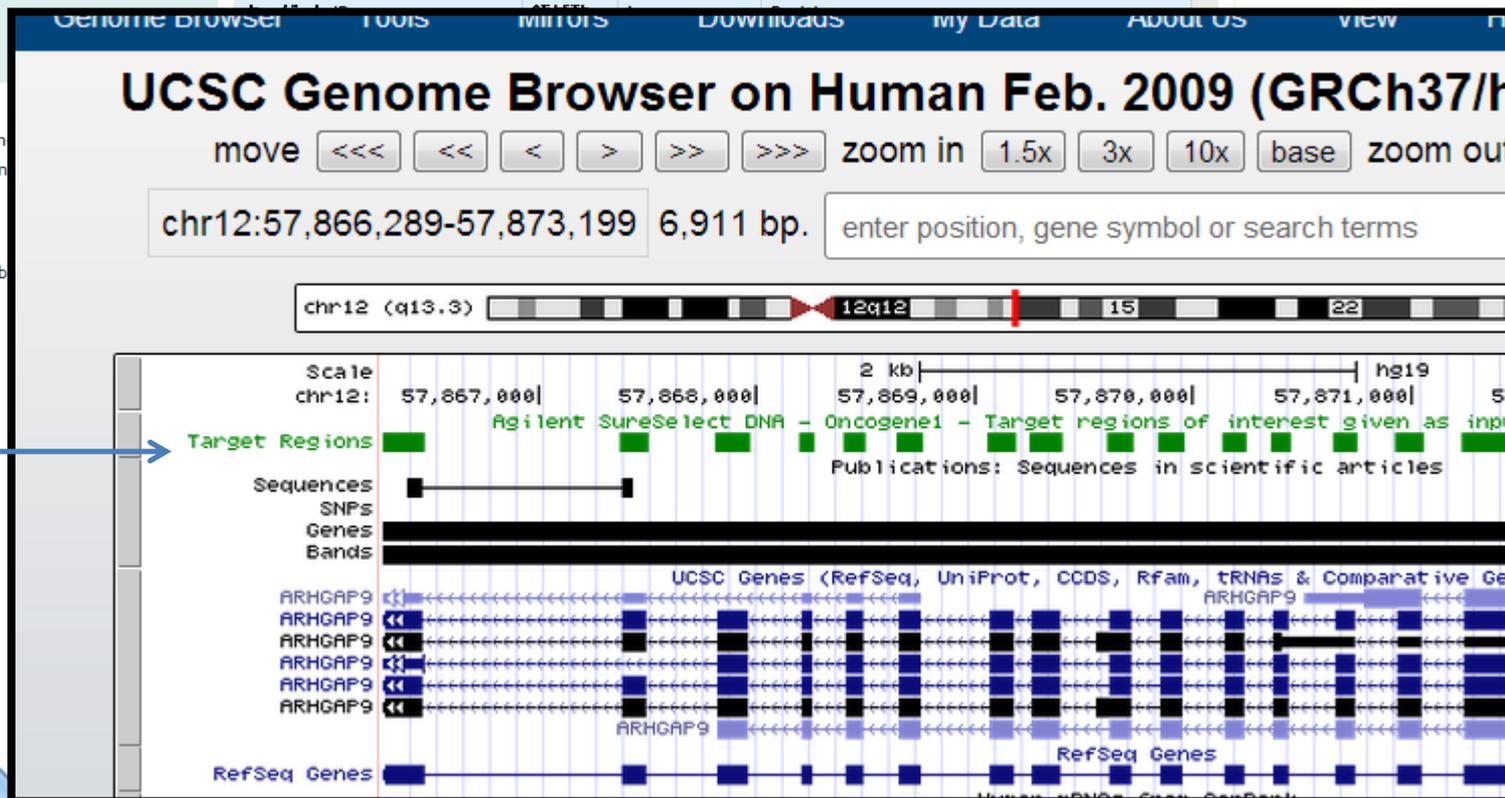
ヘルプ - ターゲットの確認

【View targets in UCSC】をクリックすると、UCSCのゲノムブラウザに、SureDesignが見つけたターゲットが表示されたウェブページが開きます

ターゲット ID に対して 18 個のターゲット (238 領域) が見つかりました。  
ターゲット ID が見つかりませんでした。

View targets in UCSC

ターゲット領域が  
カスタムトラック  
として表示される



# 3-3. ターゲットの確認 ターゲット確認の完了

デザインの定義

ターゲットの定義

▶ ターゲットの確認

パラメータの入力

プローブの選択

ファイナライズ

SureSelect デザイン

名前: Oncogene1

生物種: H. sapiens

ターゲット領域

領域数: 238

サイズ: 39.069 kbp

プローブ

プローブ数: NA

サイズ: NA

価格の階層: NA

カバーレッジ: NA

UCSC View

ダウンロード

ターゲットサマリ

- 18 個のターゲット ID に対して 18 個のターゲット (238 領域) が見つかりました。
- 0 個のターゲット ID が見つかりませんでした。

ターゲット詳細

[View targets in UCSC](#)

ターゲット ID	領域数	bp	Position
ARHGAP9	17	2536	chr12:57866289-57873199
C9ORF24	7	1040	chr9:34379063-34397641
CASK	27	3321	chrX:41379662-41782251
COL27A1	61	6803	chr9:116918220-117072985
CWH43	16	2420	chr4:4
ELL	12	2106	chr19:
FFAR3	1	1061	chr19:
GART	21	3457	chr21:
IL1RL1	10	1888	chr2:102954714-102968391
IL23R	10	2090	chr1:67633793-67724821
KRTAP5-7	1	518	chr11:71238336-71238854
NKX2-6	2	946	chr8:23559953-23564121
OCIAD1	9	950	chr4:48833528-48862789

ターゲット領域の確認が完了したら【次へ】をクリックします。プローブデザインの画面に進みます。

キャンセル

戻る

次へ

## 3-4. パラメータの入力

デザインの定義



ターゲットの定義



ターゲットの確認



▶ パラメータの入力

プローブの選択

ファイナライズ

SureSelect デザイン

名前: Oncogene1

生物種: H. sapiens

ターゲット領域

領域数: 238

サイズ: 39.069 kbp

プローブ

プローブ数: NA

サイズ: NA

価格の階層: NA

カバレッジ: NA

UCSC View

ダウンロード

選択パラメータ

密度: 2x

マスク: Moderately Stringent

ブースティング: Balanced

設定したターゲット領域に対してプローブをデザインするためのパラメータを決定します。

個々のパラメータの選択はキャプチャ効率に直接影響します。

個々のパラメータの意味は次ページ以降に解説します。目的にあわせて、適切なパラメータを選択してください。

キャンセル

戻る

プローブ選択の開始



# 3-4. パラメータの入力 密度

選択パラメータ

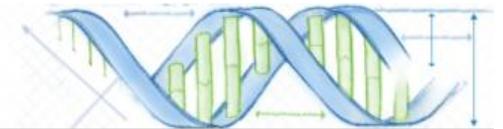
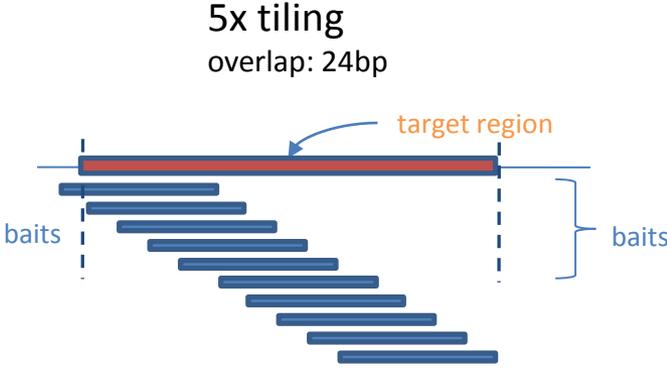
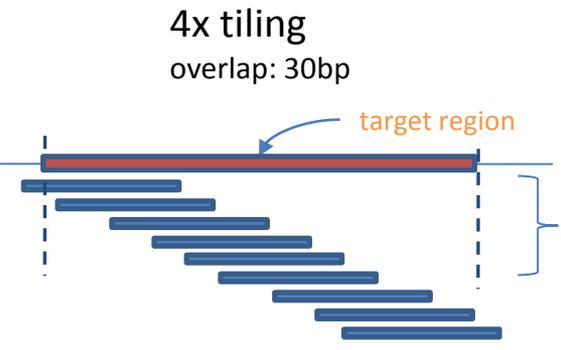
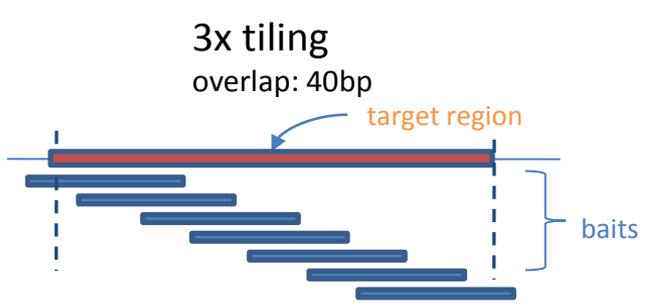
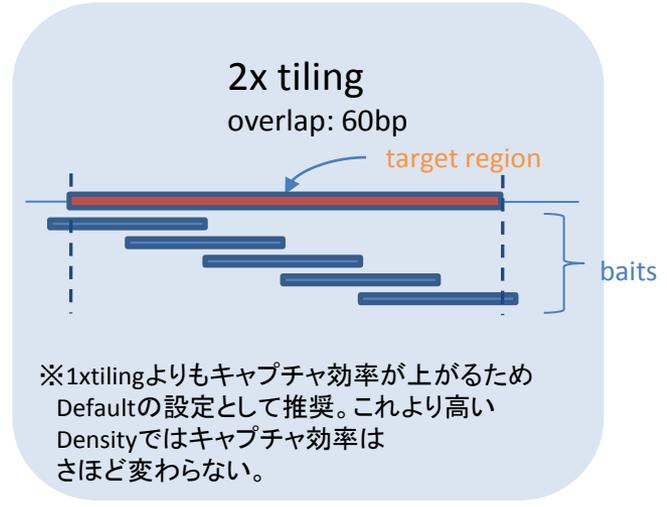
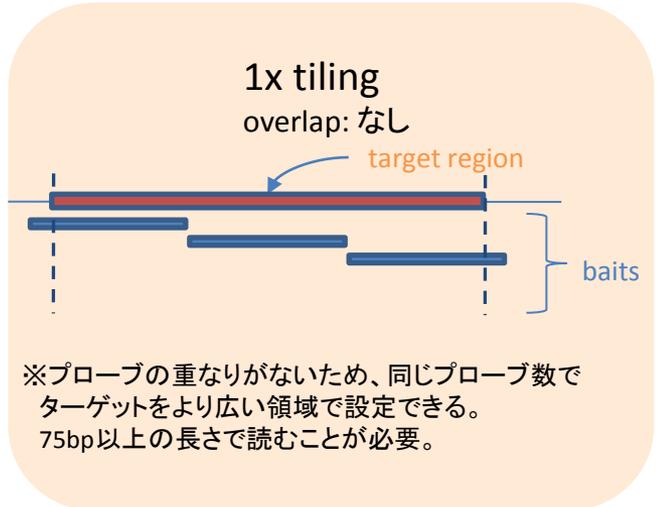
密度: 2x

マスク: 1x

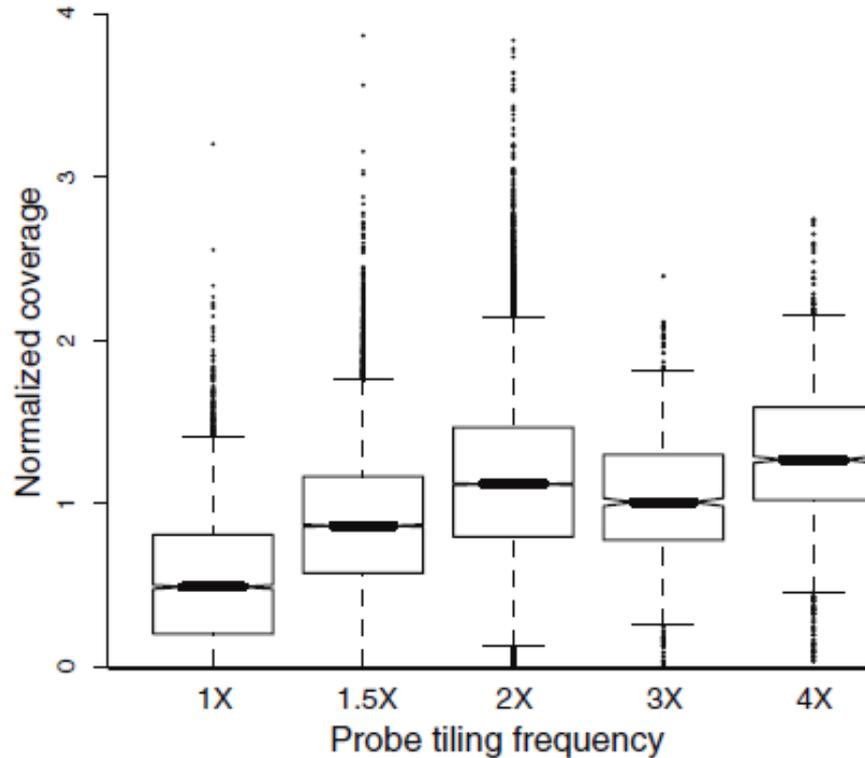
ブースティング: 3x

4x

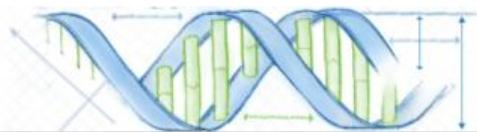
5x



## 3-4. パラメータの入力 密度がCoverageに与える影響



*Genome Biology* 2009, 10:R116 (doi:10.1186/gb-2009-10-10-r116)



## 3-4. パラメータの入力 マスク

選択パラメータ

密度: 2x

マスク: Moderately Stringent

ブースティング: Moderately Stringent

Most Stringent

Moderately Stringent

Least Stringent

No Masking

もっとも厳しいMaskとなります。

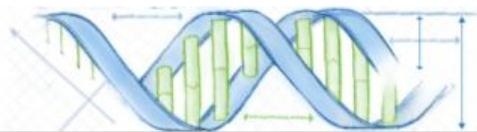
eArray7.9から新たなDefaultとなったRepeat Mask Repeat MaskerとWindow MaskerのIntersection

eArray7.9で追加された機能。Repeat MaskerとWindow MaskerとDuke Uniqueness 35 trackのIntersection。もっとも緩やかなMaskとなります。

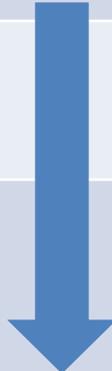
No Maskingの選択は推奨しません。

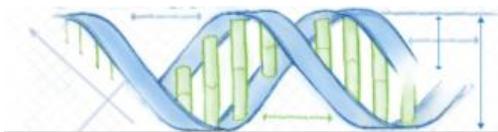
- Repeat MaskerはUCSC Repeat Masker trackの領域です。
- WindowMaskerの詳細は下記の文献をご参照ください。  
WindowMaskerによるRepeat MaskはNCBIのWindowMasker toolのdefault parametersにより行われます。
- Duke Uniqueness 35 trackはUCSCのGenome Browserから参照できます。
- 実験の目的に応じて、適切な厳しさのRepeat Mask機能を使用してください。  
判断に迷う場合は、Defaultの設定を使用してください。

- Citation  
**WindowMasker: window-based masker for sequenced genomes.**  
Morgulis A, Gertz EM, Schäffer AA, Agarwala R.  
[Bioinformatics. 2006 Jan 15;22\(2\):134-41. Epub 2005 Nov 15.](#)



### 3-4. パラメータの入力 マスクオプションの詳細 (Humanの場合)

Masking Option	Masking Methods: Intersection of Regions Masked By	Masking Effect
Most Stringent Masking	Repeat Masker	Least Number of Probes
Moderate Masking <b>(New Default)</b>	Repeat Masker Window Masker	 <div style="border: 1px solid black; padding: 5px; display: inline-block;">Increasing Number of Probes</div>
Least Stringent Masking	Repeat Masker Window Masker Duke Uniqueness 35 Track	
No Masking	SureDesign creates probes across the entire tiling interval	Not recommended



## 3-4. パラメータの入力

### Human以外の生物種についてのマスクオプション

- 生物種によって利用可能なMaskingアルゴリズムが異なります
  - WindowMasker はすべての生物種で利用可能
  - Repeat Masker track はいくつかの生物種で利用可能
  - Duke Uniqueness 35 track はHumanのみで利用可能
- 詳細はヘルプ情報を参照ください



SureDesign

ヘルプ - デザインパラメータ

SureSelect DNA

パラメータの入力

デザインの定義

ターゲットの定義

ターゲットの確認

▶ パラメータの入力

プローブの選択

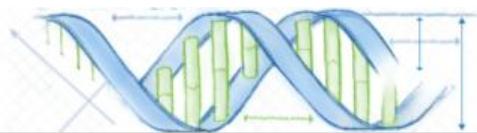
ファイナライズ

選択パラメータ

密度: 2x

マスク: Moderately Stringent

ブースティング: Balanced



## 3-4. パラメータの入力 ブースティング

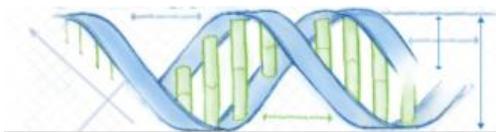
選択パラメータ

密度: 2x

マスク: Moderately Stringent

ブースティング: **Max Performance**  
Balanced  
No Boosting

ターゲット領域に対してできるだけ均一なキャプチャを行うために、GC%が高いなど、キャプチャの難しい領域に対して、プローブの相対濃度を増やすBoostingの設定を行います。次ページを参照して、適切なBoostingを選択してください。



## 3-4. パラメータの入力 ブースティング

- **Max performance**

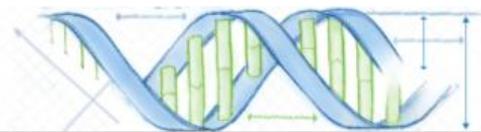
キャプチャ効率が最大になるようにSureDesignが相対的なプローブ濃度を自動的に調整します。キャプチャ効率は最大になりますが、プローブの数が大幅に増加する場合がありますので、注意が必要です。必ずプローブの数を確認してください。プローブ数が57,680を超えると、デザインの価格帯(Tier)が変わり、より価格の高いデザインになります。

- **Balanced**

eArray7.8までMaximize Performanceで使用されていたプローブ濃度調整方法です。プローブ数がある程度増加しキャプチャ効率も向上しますが、上記の設定ほどは増加しません。プローブ数をできるだけ抑えながら、キャプチャ効率をより改善するために使用します。

- **No Boosting**

基本的には推奨しません。

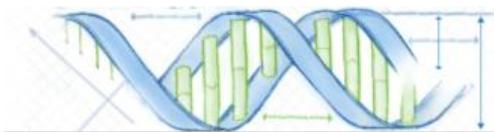


## 3-4. パラメータの入力 プローブデザインの開始

The screenshot shows the SureDesign web interface. On the left, a sidebar lists steps: Define Design, Define Targets, Review Targets, Enter Parameters (selected), Select Probes, and Finalize. Below this, design details are shown: Name: oncogene1, Species: H. sapiens, Target Regions: # Regions: 3245, Size: 519,012 kbp, and Probes: # Probes: NA, Size: NA, Price Tier: NA, Coverage: NA. The main area is titled 'Enter Parameters' and shows 'Selection Parameters' with 'Density: 2x' and 'Masking: Moderately Stringent'. A 'Notification' dialog box is centered, containing the text: 'SureDesign will now begin selecting probes. You can monitor the probe selection job from the 'Designs: In Progress' section on the Home page. When complete, an email will be sent to kaho\_minoura@agilent.com. Additional email addresses: [input field]. Use semicolon (;) to separate multiple email addresses.' The dialog has 'OK' and 'Cancel' buttons. At the bottom of the main interface, there are 'Cancel', 'Back', and 'Begin Probe Selection' buttons.

プローブデザインのパラメータを設定したら、【**プローブ選択の開始**】をクリックして、プローブデザインをスタートさせます。

プローブデザインにはある程度の時間がかかります。プローブデザインが完了すると、SureDesignに登録されているメールアドレスに、メールで完了のお知らせがきます。もし別のメールアドレスにお知らせがほしい場合にはここでメールアドレスを入力します。



# 3-4. パラメータの入力 プローブデザインの開始

SureDesign ヘルプ

SureSelect DNA プローブの選択

- デザインの定義 ✓
- ターゲットの定義 ✓
- ターゲットの確認 ✓
- パラメータの入力 ✓
- ▶ プローブの選択**
- ファイナライズ

プローブ選択作業が現在実行中です。

**【デザインウィザードを閉じる】を  
クリックして、この画面を閉じます。**



SureSelect デザイン

名前: Oncogene\_ReikoTest\_1...  
生物種: H. sapiens

**ターゲット領域**

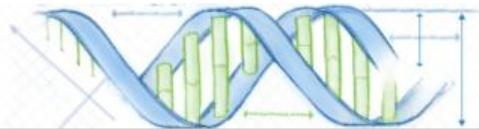
領域数: 238  
サイズ: 39.069 kbp

**プローブ**

プローブ数: NA  
サイズ: NA  
価格の階層: i NA  
カバレッジ: NA

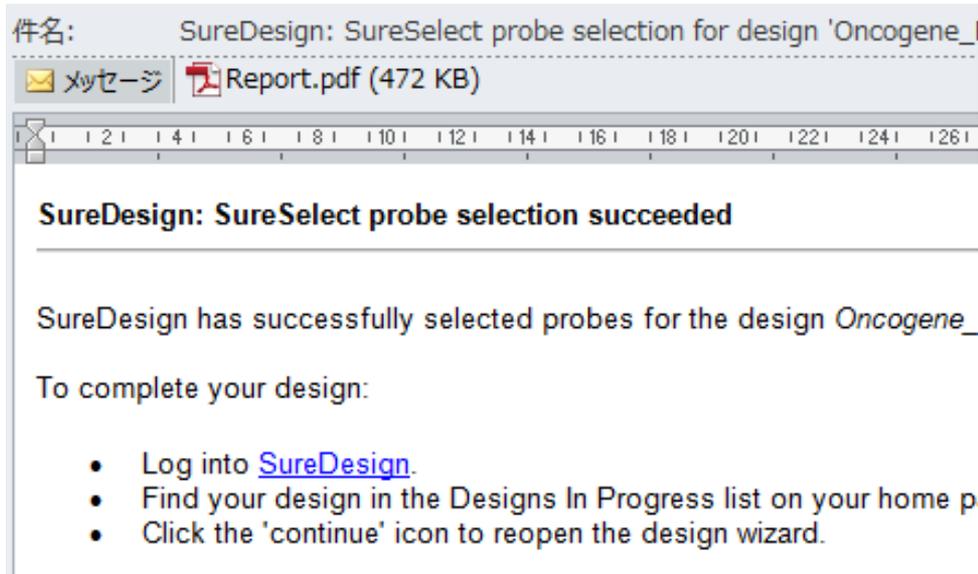
UCSC View ダウンロード

デザインウィザードを閉じる

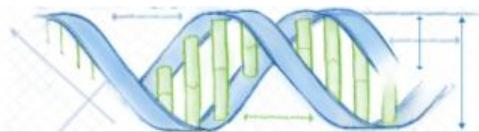


## 3-5. プローブデザインの確認

プローブデザインが完了すると、下記のメールが登録されたメールアドレスに届きます。



添付レポートでデザインの結果を確認した後に、再度SureDesignにログインして、次のステップに進みます。



## 3-5. Reportによるプローブデザインの確認

### Design Information

Design Name: Oncogene

Species: H. sapiens (H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009)

Platform: Illumina

### Target Summary

18 Target IDs resolved to 18 targets comprising 238 regions.

0 Target IDs were not found.

Region Size: 39.069 kbp

← Not Foundになっているターゲットがないことを確認します。

### Probe Summary

Total Probes: 845

Total Probes Size: 57.411 kbp

Coverage: 99.47529%

Recommended Minimum Sequencing per Sample: 11.482 Mbp

Pricing: Tier 1 (Probe Region Size = 0 - 499 kbp; up to 57.5K probes)

← トータルのプローブの数とサイズ、Pricing Tierを確認します。

### Target Parameters

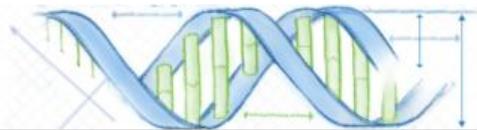
Databases: RefSeq,CCDS

Region: Coding Exons

Region Extension: 10 bases from 3' end and 10 bases from 5' end.

Allow Synonyms: No

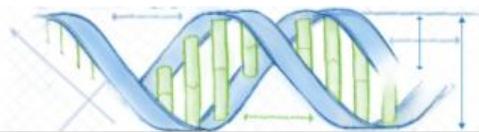
← 設定パラメータを確認します。



## 3-5. Reportによるプローブデザインの確認

### Design Details

Target ID	Regions	Coverage	High Coverage ( $\geq 90\%$ )	Low Coverage ( $< 90\%$ )
AKT2	24	97.389175 %	19	5
APC	7	98.90758 %	29	3
APC	25	98.90758 %	29	3
BCL3	10	99.36083 %	9	1
BCR	31	99.930885 %	28	3
BRCA1	25	95.43925 %	22	3
BRCA2	28	98.79119 %	26	2
chr20:361350-361470	1	100.0 %	1	0
chr20:361410-361530	1	100.0 %	1	0
chr20:361470-361590	1	100.0 %	1	0
chr20:361530-361650	1	100.0 %	1	0
chr20:361590-361710	1	100.0 %	1	0



## 3-6. ファイナライズ

SureDesign



ホーム



デザイン検索



デザイン作成

アドバンスドオプションの表示 | Agile

デザインの開始



HaloPlex



SureSelect DNA

デザイン作成: 進行中



Oncogene1

SureSelect DNA | 更新されました 26-2-2013 | Probe Tiling (Complete)

Draft



Draft



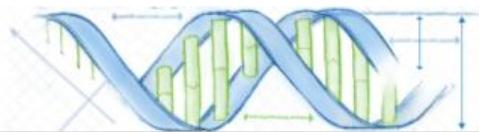
デザイン作成: 最近使用したもの・お気に入り

お気に入りの項目も最近使用した項目もありません。

デザイン/プローブグループを作成、ダウンロード、オーダー  
お気に入り/最近使用した項目もありません。

Home画面の【デザイン作成: 進行中】中のデザインでContinueボタンをクリックして、次のステップに進みます。

SureDesign



# 3-6. ファイナライズ プローブデザインの確認

SureSelect DNA

ファイナライズ

デザインの定義



ターゲットの定義



ターゲットの確認



パラメータの入力



プローブの選択



▶ ファイナライズ

## SureSelect デザイン

名前: Oncogene1

生物種: H. sapiens

## ターゲット領域

領域数: 238

サイズ: 39.069 kbp

## プローブ

プローブ数: 845

サイズ: 57.411 kbp

価格の階層: Tier 1

カバレッジ: 99.48 %

UCSC View

ダウンロード

このデザインをファイナライズする準備ができました。ファイナライズすると、次のようになります。

- デザインを変更できなくなります。
- デザイン ID が割り当てられます。
- デザイン情報がアジレントの製造工場に送信されます。製造作業は、正式な注文書の送信が完了するまで開始されま

この画面でプローブデザインの基本情報を確認します。

## SureSelect デザイン

名前: デザイン名

生物種: 生物種

## ターゲット領域

領域数: ターゲットの領域の数

サイズ: ターゲット領域のトータルサイズ

## プローブ

プローブ数: ターゲットに対してデザインされたプローブの総数

サイズ: デザインされたプローブがカバーする領域のトータルサイズ

価格の階層: デザインされたカスタムキットの価格帯  
(プローブ数が57,680を超えると、サイズが6Mbを越えていなくても Tier 3になるのでご注意ください)

カバレッジ: ターゲットのうち、1つ以上のプローブでカバーされた領域の割合

実際にシーケンスされる領域を考慮し、プローブの両端100bpを拡張したサイズをもとに計算されています。

## 3-6. ファイナライズ

### Downloadしたファイルによるプローブデザインの確認

The screenshot shows the SureDesign software interface. On the left, a sidebar lists design steps: 'デザインの定義', 'ターゲットの定義', 'ターゲットの確認', 'パラメータの入力', 'プローブの選択', and 'ファイナライズ'. The 'ファイナライズ' step is highlighted. Below this, the 'SureSelect デザイン' section shows '名前: Onco', '生物種: H. sapiens', and 'ターゲット領域'. A white text box with a red arrow points to the 'ダウンロード' button, containing the text: 'デザインの変更・ファイナライズ前にデザインファイルをダウンロードできます。' The main window displays a 'ダウンロード' dialog box for a project named '20150127-SS-BTest1'. It lists six files for download: '0728521', '0728521\_Report.pdf', '20150127-SS-BTest1\_1\_AllTrac...', '20150127-SS-BTest1\_1\_Cover...', '20150127-SS-BTest1\_1\_Regions', '20150127-SS-BTest1\_1\_Report.txt', and '20150127-SS-BTest1\_1\_Targets.txt'. A blue arrow points from the 'ダウンロード' button in the dialog to the 'ダウンロード' button in the main window.

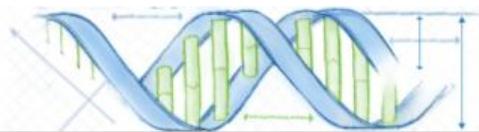
デザインの変更・ファイナライズ前にデザインファイルをダウンロードできます。

名前: 20150127-SS-BTest1  
ダウンロードするファイルを選択してください。

- 0728521
- 0728521\_Report.pdf
- 20150127-SS-BTest1\_1\_AllTrac...
- 20150127-SS-BTest1\_1\_Cover...
- 20150127-SS-BTest1\_1\_Regions
- 20150127-SS-BTest1\_1\_Report.txt
- 20150127-SS-BTest1\_1\_Targets.txt

6ファイルをダウンロードして確認します。各ファイルの詳細は次ページで説明します。

閉じる    ダウンロード



## 3-6. ファイナライズ

# Downloadしたファイルによるプローブデザインの最終確認

各ファイルの内容は下記のとおりです。

<Design ID>\_Covered.bed

	A	B	C	D
1	browser position chr2:128175942-128176121			
2	track name="Covered Probes" description="Agilent S			
3	chr2	128175941	128176121	APC
4	chr2	128177248	128177608	APC
5	chr2	128178821	128179061	APC
6	chr			
7	chr			
8	chr			
9	chr			
10	chr			
11	chr			
12	chr			
13	chr5	112073972	112074212	APC
14	chr5	112090525	112090765	APC
15	chr5	112101974	112102154	APC
16	chr5	112102866	112103106	APC
17	chr5	112111305	112111485	APC

Designでカバーされる領域の位置情報を記載したbedファイル

<Design ID>\_Regions.bed

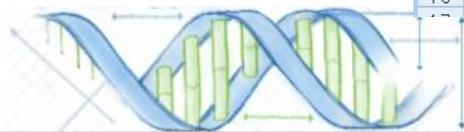
	A	B	C	D
1	browser position chr19:40736213-40791312			
2	track name="Target Regions" description="A			
3	chr19	40736213	40739868	AKT2
4	chr19	40740345	40740488	AKT2
5	chr			
6	chr			
7	chr			
8	chr			
9	chr			
10	chr19	40746158	40746216	AKT2
11	chr19	40746158	40746216	AKT2
12	chr19	40747278	40747986	AKT2
13	chr19	40748430	40749219	AKT2
14	chr19	40761053	40761186	AKT2
15	chr19	40762822	40762972	AKT2
16	chr19	40771118	40771464	AKT2

最初にInputしたターゲット領域の位置情報を記載したbedファイル

<Design ID>\_AllTracks.bed

	A	B	C	D
1	browser position chr19:40736213-40739868			
2	track name="Target Regions" description="			
3	chr19	40736213	40739868	AKT2
4	chr19	40740345	40740488	AKT2
13	chr19	40748430	40749219	AKT2
14	chr19	40761053	40761186	AKT2
15	chr19	40762822	40762972	AKT2
16	chr19	40771118	40771464	AKT2

Amplicon, Covered, Regions, Missed(プローブでカバーされなかったターゲット)の4トラックの情報を含むbedファイル



## 3-6. ファイナライズ

# Downloadしたファイルによるプローブデザインの最終確認

各ファイルの内容は下記のとおりです。

<Design ID>\_Report.txt

	A	B	C	D	E	F
1	#	File Summary				
2	File Type:	SureSelect DNA Design Report				
3	Created By:					
4	User:	kahc				
5	Workgroup:					
6	Folder:	Agilent_Field				
7	Timestamp:					
8						
9	#	Design Summary				
10	Design Name:	Onco3				
11	Species:	H. sapiens( H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009 )				
12	Platform:	Illumina				
13						
14	#	Target Summary				
15	66	TargetIDs resolved to 75 targets comprising 1111 regions.				
16	0	TargetIDs were not found.				
17	Region Size:	208.916 kbp				
18						
19	#	Probe Summary				
20	Total Probes:	3669				
21	Total Probes Size:	207.933 kbp				
22	Coverage:	99.52947%				
23	Recommended Minimum Sequencing per Sample:	41586.6 kbp				
24						
25	#	Target Parameters				
26	Databases:	RefSeq,Ensembl,CCDS,Gencode,VEGA				
27	Region:	Coding Exons				
28	Region Extension:	10 bases from 3' end and 10 bases from 5' end.				

Designのサマリーを  
記載したテキスト  
ファイル

<Design ID>\_Report.pdf

**SureDesign** SureSelect DNA Design Report

**General Information**  
User: kaho\_minoura@agilent.com  
Workgroup: Agilent\_Field  
Folder: Agilent\_Field

**Design Information**  
Design Name: Onco3  
Species: H. sapiens( H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009 )  
Platform: Illumina

**Target Summary**  
66 TargetIDs resolved to 75 targets comprising 1111 regions.  
0 TargetIDs were not found.  
Region Size: 208.916 kbp

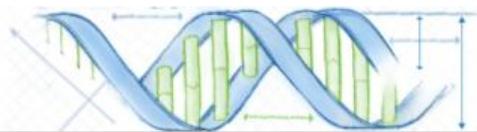
**Probe Summary**  
Total Probes: 3669

Designのサマリーを  
記載したPDFファイル  
メールで到着する  
ものと同じ内容

<Design ID>\_targets.txt

	A	B	C	D	E
1	#	File Type: Input Targets File			
2	#	Timestamp: 30-Sep-2012			
3	#	User:			
4	#	Created:			
5	#	Species:			
6					
7	AKT2				
8	APC				
9	BCL3				
10	BCR				
11	BRC A1				
12	BRC A2				
13	CBL				
14	CCND1				
15	CDK4				
16	CSF1 R				
17	DCC				
18	E2F1				
19	EGFR				
20	ELK1				
21	ELK3				
22	ERBB2				

最初にInputした  
ターゲットの内容



# 3-6. ファイナライズ

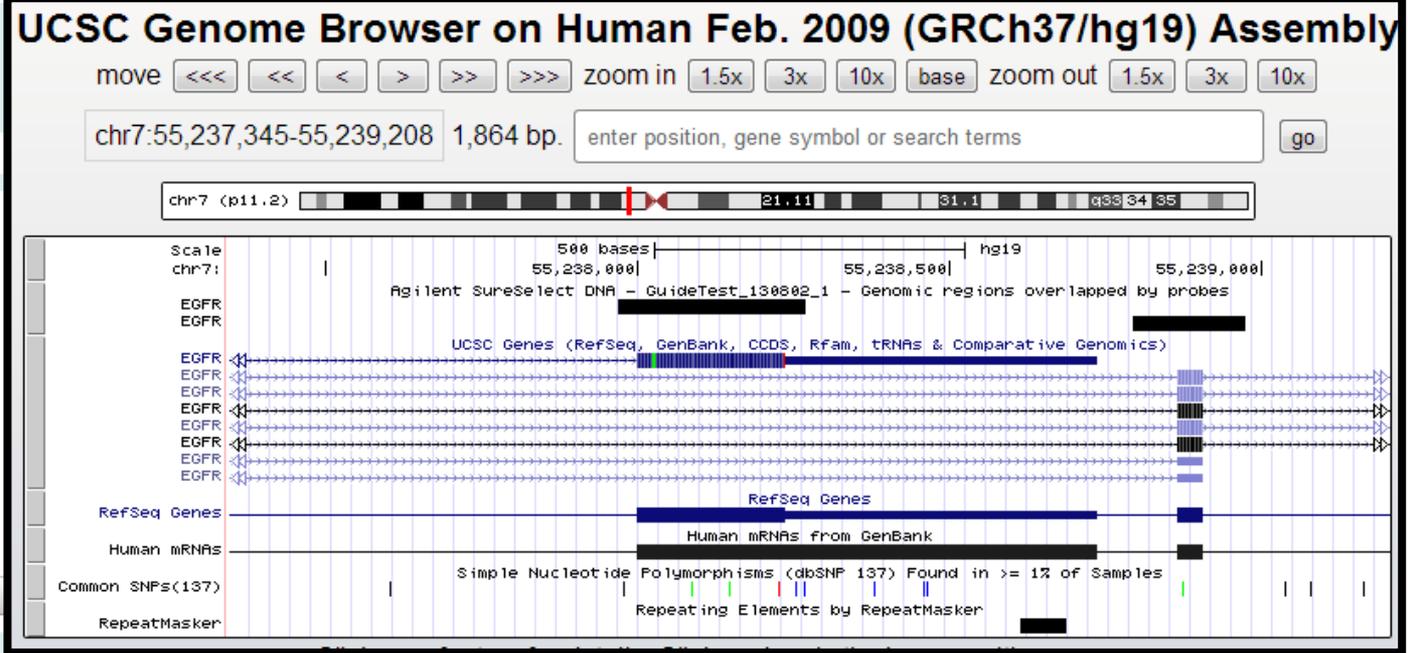
## UCSC Genome Browserによるプローブデザインの最終確認

SureDesign

ヘルプ - デザイン完了

SureSel **【UCSC View】**をクリックすると、UCSCのゲノムブラウザに、デザインの内容が表示されたウェブページが開きます

ナライズする準備ができました。ファイナライズすると、次のようになります。

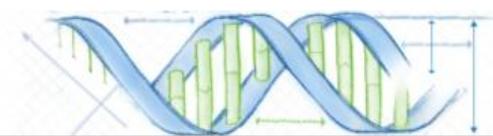


UCSC View

ダウンロード

デザインの変更

デザインのファイナライズ



# 3-6. ファイナライズ

- デザインの定義 ✓
- ターゲットの定義 ✓
- ターゲットの確認 ✓
- パラメータの入力 ✓
- プローブの選択 ✓

▶ ファイナライズ

SureSelect デザイン

名前: Oncogene  
生物種: H. sapiens

ターゲット領域

領域数: 238  
サイズ: 39.069 kbp

プローブ

プローブ数: 1691  
サイズ: 57.411 kbp  
価格の階層: Tier 1  
カバレッジ: 99.48 %

UCSC View

ダウンロード

このデザインをファイナライズする準備ができました。ファイナライズすると、次のようになります。

- デザインを変更できなくなります。
- デザイン ID が割り当てられます。
- デザイン情報がアジレントの製造工場に送信されます。製造作業は、正式な注文書の送信が完了するまで開始されません。

レポートおよび左記のデザインサマリにてプローブデザインを再確認します。特に【**価格の階層**】(サイズによって価格帯が変わります)は予期した価格帯のサイズになっているかどうか、必ず再確認ください。

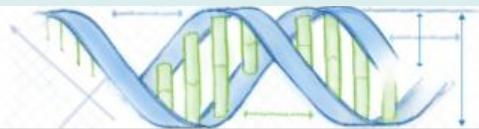
デザインを再度変更したい場合は【**デザインの変更**】を、このまま最終確定する場合は【**デザインのファイナライズ**】をクリックします。ファイナライズすると、このデザイン情報はアジレントの製造部に送られますが、実際にオーダーするまでは製造は開始されません。

ターゲット  
FFAR3  
GART  
IL1RL1  
IL23R  
KRTAP5-7  
NKX2-6

FFAR3	chr19:35849782-3585084	1061	100	1	1
GART	chr21:34876420-3491163	3457	100	21	21
IL1RL1	chr2:102954714-1029683	1888	100	10	10
IL23R	chr1:67633793-67724821	2090	100	10	10
KRTAP5-7	chr11:71238336-7123885	518	100	1	1
NKX2-6	chr8:23559953-23564121	946	100	2	2

デザインの変更

デザインのファイナライズ



## 3-6. ファイナライズ

SureDesign Help - Finalize Design

SureSelect DNA Finalize

Define Design ✓  
Define Targets ✓  
Review Targets ✓  
Enter Parameters ✓  
Select Probes ✓  
Finalize

You are now ready to finalize this design. After finalizing:

- The design can no longer be modified.
- A design ID will be assigned.
- Design information will be sent to Agilent's manufacturing facility. Manufacturing will not begin until you have...

**デザインの変更**

このデザインの変更を選択しました。  
[OK] をクリックすると、デザインからすべてのプローブが削除され、ターゲットリスト画面に戻ります。

注: 選択パラメータはすべてデフォルト値にリセットされます。

OK キャンセル

SureSelect Design

Name: Oncogene2  
Species: H. sapiens

Target Regions

# Regions: 243  
Size: 69,975 kbp

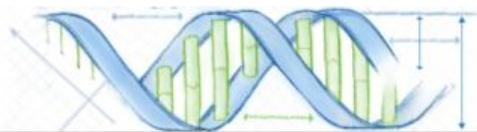
Probes

# Probes: 1244  
Size: 71,058 kbp  
Price Tier: Tier 1  
Coverage: 104.96 %

Download

Modify Design Finalize Design

【**デザインの変更**】を選択するとデザインされたプローブは削除され、ターゲットのリストの画面に戻ります。また全てのパラメータはDefault設定に戻りますので、ご注意ください。



# 3-6. ファイナライズ デザインの最終確認

デザインが完成しました。

名前: Oncogene1

デザイン ID: 0477781

生物種: H. sapiens

領域数: 238

ターゲット領域合計サイ  
ズ: 39,069 kbp

プローブ数: 845

プローブ サイズ: 57,411 kbp

価格の階層: **i** Tier 1

カバーレッジ: 99.48 %

デザインが "Agilent-SD-J" ワークグループフォルダに保存されました。

オーダー

お気に入りに設定する

ダウンロード

UCSC View

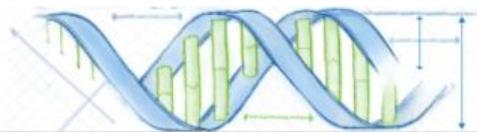
ファイナライズしたデザインを確認します。

デザイン詳細を【**ダウンロード**】ボタンから取得できます。ここでダウンロードできるファイルは前ステップでダウンロードしたファイルと同じ内容になります。

【**お気に入りに設定する**】ボタンを押すと、Homeタブの【**デザイン作成:最近作成したもの・お気に入り**】欄に表示されます。

このデザインで発注するための見積もりを依頼する場合、この【**オーダー**】をクリックします。

デザインウィザードの終了

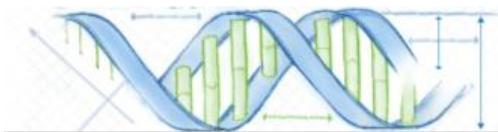


## 4. カスタムデザインのオーダー（見積もり依頼）

これ以降の操作につきましては  
購入方法の資料もご参考ください。

SureDesign 日本語資料サイト内「購入方法」

<http://www.chem-agilent.com/contents.php?id=1002474>



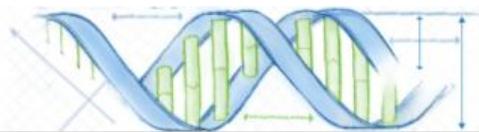
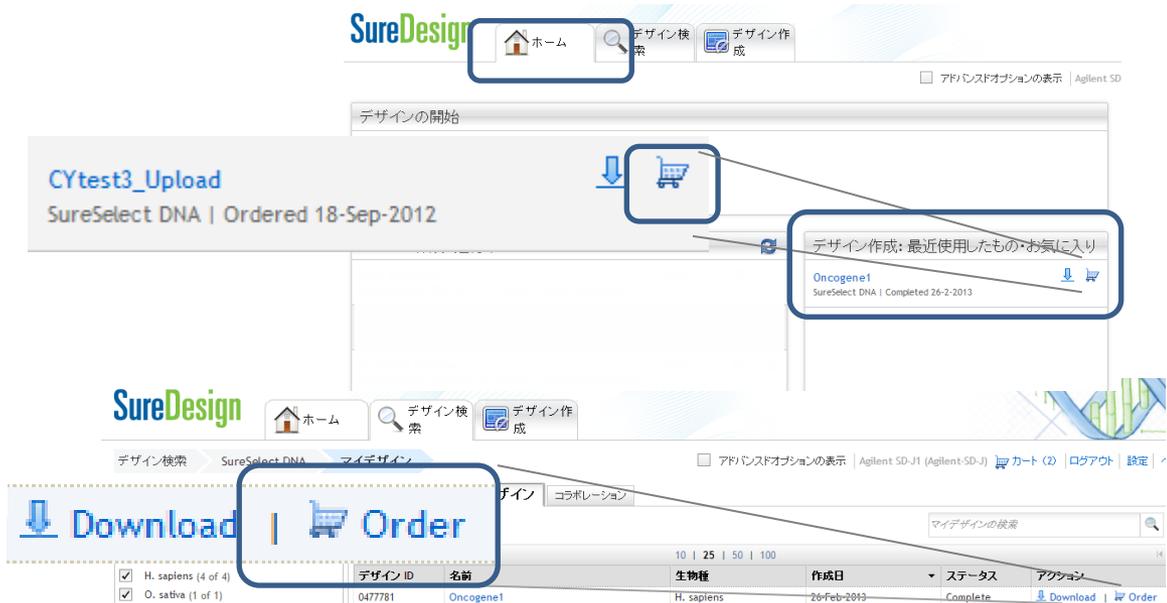
# オーダー(見積もり依頼)

1)見積もり画面に進むには、3つの方法があります。下記方法A,B,Cいずれかで見積もり画面に入ります。

**方法A**; 前項の続き画面から手配する場合、【**オーダー**】ボタンをクリックします。

**方法B**; Homeタブの【**デザイン作成: 最近作成したもの・お気に入り**】の中から該当するデザインのOrderボタンをクリックします。

**方法C**; デザイン検索タブの【**マイデザイン**】タブ(もしくは【**コラボレーション**】タブ)の中の該当するデザインの【**アクション**】欄にあるOrderボタンをクリックします。



## 2) 見積もり内容を設定します。

**SureDesign**

SureSelect DNA オーダー

デザイン名: Oncogene1  
デザイン ID: 0477781

\* 数量:

シーケンスプラットフォーム:

試薬キット:

自動化キット:

サンプルサイズ:

デザイン部品番号: 5190-4806  
試薬キット部品番号: G9611A

カートに追加

数量; 注文するデザインのキットの個数を設定 (例えば16 reaction 反応の試薬を2セット頼む場合、ここは2を入力します)

シーケンスプラットフォーム; シーケンステクノロジーの選択 (ご利用のシーケンスシステムをご選択ください)

試薬キット; 適切なキットを選択します。

HiSeq/MiSeq/NextSeqの場合;  
下記のいずれかを選択します。

QXT; トランスポゼースを用いたライブラリ調製  
XT; ポストプール式  
XT2; プレプール式

**\*QXT/XTとXT2の製品に互換性はありません。プロトコルも異なります。ここでは、必ず採用された正しい方を選択ください。**

SOLiDの場合; XT, ポストプール式のみ

Roche454・Protonの場合; TE, ポストプール式のみ

自動化キット; SureSelect自動化システムをご使用の場合、チェックを入れてください。

Sample Size; キットの1キットあたりのサンプル数を選択:

サンプルサイズ; 1キットごとのサイズを示します。左図の16とは、一種類のデザインを16サンプルの解析にしようすることを意味します。(例えば16reactionの試薬を2セット頼む場合、Sample Sizeは16を選択し、Quantityを2と入力します。)



3) 【見積りの依頼】ボタンをクリックしてください。

\*【カートに追加】ボタンは日本ではご利用いただけません。

SureDesign ヘルプ · オーダー

SureSelect DNA オーダー

デザイン名: Oncogene1  
デザイン ID: 0477781

数量:

シーケンスプラットフォーム:

試薬キット:

自動化キット:

サンプルサイズ:

デザイン部品番号: 5190-4806  
試薬キット部品番号: G9611A

ワークグループ名  
Agilent-SD-J  
会社名  
NA  
会社番号  
NA

現在 SureDesign にログイン中です。

SureDesign はショッピングカートと Agilent Genomics Web サイトと共有しています。オンラインで購入するには、そのサイトに登録することも必要です。日本ではこのシステムはご利用できません。

積算するには、カートアイコンをクリックして、Agilent Genomics のページに移動してください。割引価格を確認するにはログインする必要があります。日本ではこのシステムをご利用できません。

4) 【見積りの依頼が完了しました】のボックスが表示されますので【閉じる】ボタンで閉じてください。

見積の依頼が完了しました ✕

 見積の依頼が送信されました。アジレントの担当者からご連絡いたします。

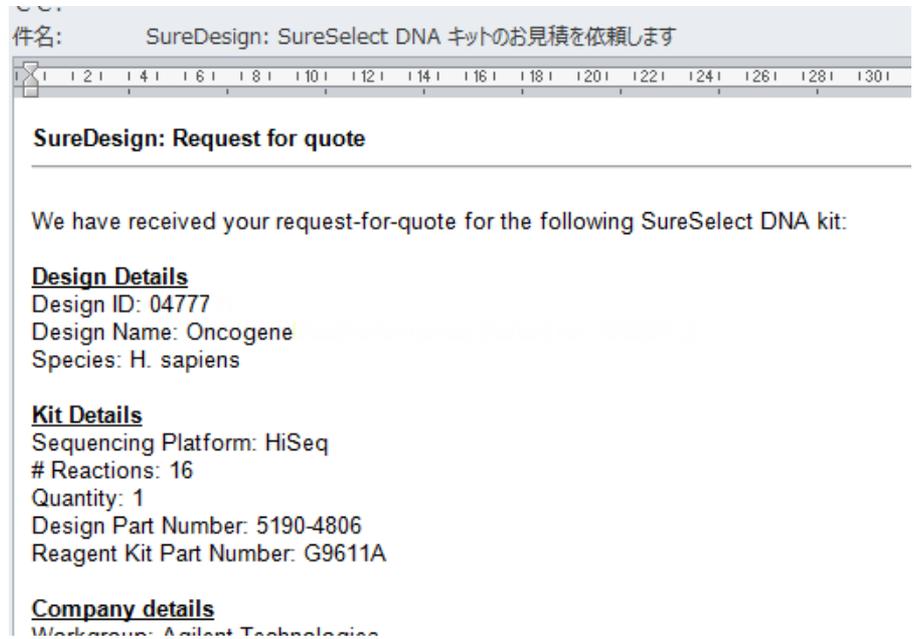


5) 見積もり請求が送信された旨、メールが到着します。

差出人; Agilent SureDesign  
[suredesign\_noreply@agilent.com]

タイトル; SureDesign: SureSelect DNA キットのお見積  
を依頼します

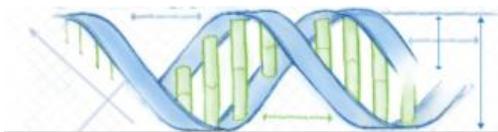
内容; デザイン情報および見積もり依頼で設定いた  
だいた内容



6) アジレント社担当営業もしくは取り扱い販売店から  
見積もり金額の提示 → 発注へ  
\* 発注の際の注意事項は別紙ご参考ください。



標準納期は発注後  
約6~8週間です。



## 5. お問い合わせ先

- SureDesignに関するサポートお問い合わせ窓口

TEL: 0120-477-111

E-mail: [email\\_japan@agilent.com](mailto:email_japan@agilent.com)

SureDesign に関する質問と明示ください。

価格、納期等のご質問は、担当営業にご連絡ください。

