

本資料では、2016年7月にリリースされたCytoGenomicsソフトウェア ver.4 の主な機能や使い方をご紹介します。詳しくは、CytoGenomicsソフトウェアログイン画面の Featured Videoや、ログイン後の画面右上のHelp、HomeタブのDemo Videoをご参照ください。



はじめに

- p.3 CytoGenomics解析の流れ
- p.4 CytoGenomics Terms

解析のプロセス

- p.5 解析前の準備
- p.6 Auto-Processing 解析
- p.9 マニュアルによる解析

(そのつど解析条件を設定、Attributeを入力する方法)

データの閲覧

- p.13 検出されたコピー数変化領域・LOH領域の一覧データ
 - (Text Aberration Report・Text LOH Report) の出力先
- p.15 Text Aberration Report Text LOH Report の出力形式の設定
- p.16 AMP/GAIN/LOSS/DEL の設定
- p.17 Text Aberration Report・Text LOH Report の出力例

Triage View

- p.18 Triage viewとLegacy Triage Viewの違い
- p.19 Triage View/Legacy Triage View のStatusとアカウント権限
- p.20 Legacy Triage View (CytoGenomcis ver3.5までの従来のTriageView)
- p.24 Triage View (CytoGenomics ver4.0からの新TriageView)
- p.28 Triage View/Legacy Triage View 共通の機能
 - p.28 Sample Note 機能
 - p.29 コピー数変化領域・LOH領域を各種データベースと比較
 - ・Track による方法
 - ・Web 上にあるデータベースと照会する方法
 - ・参照データベース例
 - p.33 CytoGenomicsに予め存在するデフォルトTrackのアップデート
 - p.34 新規Trackの作成法

データの編集と出力

- p.37 検出されたコピー数変化領域・LOH領域に情報を加える
 - ・情報を自由に入力(Note)
 - ・Classificationを与える
 - ・参照データベース例
- p.40 結果をトリアージし、CytoReport を作成
- p.43 Triage View にてSign Offした後に作成した
 - CytoReport・Aberration Report・LOH Report の出力先
- p.44 CytoReport の内容を変えたいとき (オプション)
- p.45 デフォルト以外の新規の解析method を作成するとき(オプション)
- p.49 解析method 設定 各項目 (オプション)

複数データの閲覧

- p.55 複数データの比較·表示
- p.56 複数データ表示上の各種機能
 - ・2群間で異なるコピー数領域を抽出
 - ・群の中でコピー数変化領域のPenetranceを算出(Probeベースで)
 - ・群の中でコピー数変化領域のPenetranceを算出(領域ベースで)
 - ・複数のデータからReference Genotype File を作成)

データベースの変更

- p.61 新しいユーザを加える方法
- p.62 データのバックアップ・修復 (restore) 方法
- p.64 データの容量例

CytoGenomics解析の流れ



Design ID:

各アレイのデザインに固有の6ケタの番号です。 デザイン番号はマイクロアレイのスライドについている12桁のバーコード番号から調べる事ができます 例:SurePrint G3 Human CGHマイクロアレイ1x1M の場合、バーコード番号 は必ず2521529XXXXという番号です。(Xの部分は数字) 25に続く5桁の数字の接頭に0をつけた、021529がDesign IDです。

Design File:

各アレイデザインに含まれるプローブの内容とプローブポジションを定義したファイルです。(拡張子.xml) Design IDがファイル名の頭についています。

例: SurePrint G3 Human CGHマイクロアレイ1 x 1M(Design ID 021529)

Design File 名;021529_D_F_20101001.xml (末尾の数字は情報更新日によって変化します。)

解析前に該当のDesign Fileをあらかじめ入れる必要があります。 参照 p.5

- ▶ 主なデザインファイルの入手先;
- 下記のページのCommon Design Files(hg18もしくはhg19)をダウンロードしてください。 http://www.genomics.agilent.com/article.jsp?pageId=3299
- その他のデザインファイルはSureDesignからダウンロードできます。
 SureDesignへのリンク、使い方は下記をご参考ください。
 - http://www.chem-agilent.com/contents.php?id=1002474

Sample Attribute File:

どのようなサンプルを各アレイにハイブリダイゼーションしたかを示すテキストファイルです。サンプル名、Red, Greenのサンプル情報などを含みます。(拡張子 .txt)参照p.7

Analysis Method:

アプリケーションごとに設定した解析条件です。ノーマライズの方法、Aberration Callの方法、フィルター条件な どが定義されています。(CGH, CGH+SNP, Single Cell解析に応じてデフォルト設定されています。) 変更も可 能です。参照p.45

Cyto Report Template:

PDFで出力されるレポートの出力形式を定義しています。変更も可能です。参照p.44

Track:

Gene View 上に様々なデータベースから取得した情報を表示する機能です。CNV情報やSplice Variantなどデフォルトで入っているTrackもあります。トラックのアップデートや追加もできます。参照p.33 - 36

Reference Genotype File :

CGH+SNPマイクロアレイで使います。リファレンスに使ったサンプルのSNP情報を定義するファイルです。 参照p.60

Classification:

コピー数変化領域・LOH領域に対して付加するユーザー定義のアノテーションです。参照p.38

解析ワークフローを開始する前に以下の内容を実施してください。 解析するマイクロアレイのDesign Fileを<u>予めインポートしておく必要があります。</u>

1. Supporting Files タブを開いてください。

CytoG	enomics	Home	Analysis Workflow	Sample Review	Configure Settings	Supporting Files	Admin	Auto-Processing Walting
Export Attribute Import/Export Probe ID List Import/Export Track File Import/Export Genotype Reference Reference	Search Entity: Array Data Array Data Array Data Tracks Algelent Su CHV 505V CHV 505V CG 6 tlanc CG 7 tlan	* Type here to se "hg19 Jhg19 it reFISH hg18_v2 hg18_v2 hg18_v2 hg18_v2 hg18_v2 hg18_v2 hg18_v2 18_v2 19_v2 18_v2 19_v2 18_v2 19_v2 18_v2 19_v2 18_v2 19_v2 18_v2 19_v2 10_v2	ng18_v2 ng19_v2 ng19_v2				J	

- 2. Import Design を選択します。
- 3. 解析対象のDesign file 拡張子.xml (参照 p.4 Design file)を選択し、Openをクリックします。



4. Import GEML design filesボックスにて Status が Valid であることを確認しStart Import をクリックします。

No.	File Name	Design Name	ID	Type	Species	Genome B	Import Sh	Pro	Status	Remov
1	031750_D_F_20101215.xml	031750_2010	031750	CGH	H. sapiens	hg19			j Valid	
								_		
Ing	r corrupt files will not be imported	d.								

Auto-Processing 解析

スキャナからマイクロアレイの画像データが取得されたときに、自動的に数値化・データ解析を行うことができます。 (Mac版ではデータ解析以降のみ対応しています。p9からの方法をご利用ください)

- **Configure Setting** タブから、予めDesign File と解析ワークフロー・データinput /output フォルダを設定しておく 必要があります。
- 画面右上の Auto-Processing スタートボタンで解析を開始します。開始した後はソフトウェアを終了し、解析が 終わったら起動してデータを確認することができます。
- 1. Configure Setting→Analysis Methods→Design Mappingから、Default Analysis Methodと Design Mapping (Designごとの解析Method)を設定します。

Analysis Methods	An ysis M tho	d Design	Mapping					
QC Metrics	Design ID-Anal Analysis methods in for newly imported if you want existin	ysis Method eed to be pub I designs. If pro a designs to ch	I Configuration lished in order to be used in Design mapping, otocol is not set than depending upon the pa- unce, way need to change them in the drop-	Changes t ck info in fown base	o default analysis method will only be seen the design, the protocol will be picked up . s below.			
Reports	Set default an	alysis method	and cyto report template for new design					
			Analysis method		Cyto Report Template			
Tracks	Design Type [C	લ્મ): (Default Analysis Method - CGH v2 •	Default	Cyto Report Template - CGH •			
	Design Type [C	CH+SNP3 (Default Analysis Method - CGH+SNP v2 *	Default	Cyto Report Template - CGH + SNP •			
Cusoncanin	Array Design	Type	Analysis method		Cyto Report Template		FE Protocol	
CO.	021529	[CGH]	Default Analysis Method - CGH v2	•	Default Cyto Report Template - CGH	•	CytoCGH_0209_1x_Mar14	
Preferences	021850	[CGH]	Default Analysis Method - CGH v2		Default Cyto Report Template - CGH	•	CytoCGH_0209_2x_Mar14	
-	021924	[CGH]	Default Analysis Method - CGH v2	•	Default Cyto Report Template - CGH	•	CytoCGH_0209_8x_Mar14	
Settings	022060	[CGH]	Default Analysis Method - CGH v2	•	Default Cyto Report Template - CGH	•	CytoCGH_0209_4x_Mar14	
	030587	[CGH+SNP]	Default Analysis Method - CGH+SNP v2	•	Default Cyto Report Template - CGH + SN	p •	CytoCGH_0209_4x_Mar14	
Partners								

2. Configure Setting→Settings→Auto-Processing Settingsから、各種データのinput/output フォルダを設定します。

× 1	Settings	
hods.	Global Settings Local Setting Auto-Processing Settings Settings	
c	These settings are for Auto-Procession and will be common to all CytoGenories client software connected to the same CytoGenories client software connected to the same CytoGenories and the same CytoGen	ytoGenomics server Installation.
utes	Directory Settings	
3	Till Image Input Folder: IICMU4248:CommonStorage_2.9.2.0_94587Automation Workflow(Till Image	Add Folders
		Remove Folders
	SAF File Input Folder: 1/DRJ405824E/CommonStorage_2.1.2.0_95187.dutomation Workflow/Saf Input	Add Folders
cation		Remove Folders
6	SAF Archive Folder: 10CN8J42487.6mmonStorage_2.9.2.0_99987.Automation Workflow/Saf archive	Browse
	Auto-Processing Output Folder: UORU4268248/CommonStorage_2.9.2.0_96987Automation Workflow/Workflow output	Browse
2	Number of Attempts: 3 Auto-Processing Idle Timeout: 120	minutes
ing:	(Based on your selection, CytoGenomics will try to process a TIFF image file again if any network or hardware issues can	use process failure,)
	Tilf Image Archive Folder	
	O Do Not Archive Tiff Image Files	
5	Archive Tiff To Sample Output Folder	
	Concernent to be the second seco	

デフォルト設定以外に設定する場合は、Browseをクリックして、設定します。設定が終了した後はApply Setting をクリックします。(SAF = Sample Attribute File → p.7)

- Tif Image Input Folder: 解析するTif画像の保存先(例:スキャナPCの Tif 画像データ output先)
- SAF file Input Folder: 解析の際にimport する Sample Attribute File ("SAF")の保存先
- SAF Archive Folder: SAF の解析後のoutput 先
- ・ Auto-Processing Output Folder: Auto-Processingの結果のoutput先
- Number of Attempts: プログラムがstatusを"failed"にする前に、Tif画像データを確認する回数。
- Auto-Processing Idle Timeout: スタートから実行終了までの待ち時間。
- Tiff Image Archive Directly: 解析後にTiff画像データを移動させる先

Attributeの名前 —	\longrightarrow	Array ID	Global Display Name	Green Sample	Red Sample	Polarity
		252192413168 1 2	252192413168 1 2	European Male (NA12891_v1)	NA04592	1
		252192413168_1_1	252192413168_1_1	European Male (NA12891_v1)	NA04592	1
		252192413168_1_3	252192413168_1_3	European Male (NA12891_v1)	NA04592	1
		252192413168_1_4	252192413168_1_4	European Male (NA12891_v1)	NA04592	1
		252192413168_2_1	252192413168_2_1	European Male (NA12891_v1)	NA04592	1
		252192413168_2_2	252192413168_2_2	European Male (NA12891_v1)	NA04592	1

- CytoGenomicsのデータベースにある解析データ間で重複するものにならないようにします。
- Tif Image Input Folderに解析するTif画像データを入れます。
 SAF file Input FolderにSAFファイル(上記参照)を入れます。
 画面右上の 、ボタンをクリックし、解析をスタートさせます。

Settings						
Global Settings Loca	Settings Auto-Processin	g Settings SureDesign Settin	igs			
These settings are for Auto Directory Settings	Processing and will be common	to all CytoGenomics client software	r connected to the same Cy	toGenomics server ins	stallation.	
Till Image Input Folder:	UONU4268248/CommonStorage	7.1.2.0 16387 Automation Workflow T	ff image	Add Folders		
				Remove Folders		
SAF File Input Folder:	VichU405824ECommonStavage 2	.9.2.0.96987-Automation Workflow/Sa	d input	Add Folders		
				Remove Folders		
SAF Archive	Folders VCNU4268248/CommonS	torege_2.9.2.0_96987Automation Wor	kflow/Saf archive	Browse		
Auto-Processing Output	Folder: VCNU4268248/CommonS	torage_2.9.2.0_96987Automation Wor	kflow/Workflow output	Browse		
Number of At (Based on your select	empts: 3 ion, CytoGenomics will try to pro	Auto-Proce cess a TIFF image file again if any net	ssing Idle Timeout: 120 work or hardware issues ca	minutes use process failure.)		
Tiff Image Archive Fold	ler .					
O Do Not Archive Tiff Im	go Files					
O Archive Till To Sample	Curput Holder					
10 CNU4258248 Common	Storage_2.9.2.0_96987.Automation	workflow/Tilf archive Browse	•			

もしくはHome 画面上のAuto-Processing の項目からスタートすることも可能です。



4. Directly先のデータに問題がなければ、Status は "Started" となり、解析が実行されていることを示します。



5. Sample Reviewをクリックすると、現在Directlyに存在するデータが表示されます。 解析結果の確認については p.13 以降 をご覧ください。

LytoGenomics 🖈 Home 📲 Andy S 🖸 Sample Sconfigure 🗐 Supporting 🕐 Admin	
ytoGenomics Analys Strange Supporting Analys Region Strange Settings	AUG-Processing Contractor
	O Heb
Monitor and review samples	
Sample Attribute 🗰 Genome Overview	Qr Type Here to filter
Applied Filters: None Claur Filtury	Cancel Show/Hide Attributes
Global Display Name 🛣 Status 🛣 Analysis Method 🕉 Date-Time 🕱 QC Status Reference 🕉	Green Sample 🐮 Red Sample 🐮 DLRSD
🐨 🐨 🗃 🗰 - Record: 0 of 0 Triage View CGH & SNP Plots View Report(s) Mult	Itisample Reanalyze Sample(s) Send to Partners
Aginet Systematics	ing and the second seco
Aquert Cyndersonics	Ante Porcenite Color
Aquert CytoGrenomics	Auto Porsenite COLOR
Aquert Cytoforomics	Ante Processing Control Ante Processing Control Division Division Control Types Into the State
Agenet Cytoferomics	Ante Processing Control Ante Processing Control Ante Processing Control Ante Processing Control Ante Processing Control Control Stewartstick Attributes
Agreet Cytelderonnics Cytelderonnics Home Winkto Sample Attribute Sample Attribute Sample Attribute Cokeda Display Name Satury is Cokeda Display Name Satury is Cokeda Display Name Cokeda Display Cokeda Display	Ante Promuise Common Ante Promuise Common Or Type From In Filer Encodi Stevenskie Attributes Green Sample To Red Sample To DLSS
Agters CytoGenomics I Supporting Admin CytoGenomics I Support () Begger () Begger () Support () S	Ante Processing Comp Ante Processing Comp Proc Comp From to Star Comp ServerHide Attributes Green Sample To DLISD
Aquer CyturGenomics Thome Advise Carligre Settings Advise Architect and review surgeds Color and review Status Color and	Auto-Processing Comp Auto-Processing Comp Processing Control Securities Green Sample & Red Sample & DUISD

6. 解析中に、解析するTiff 画像を新たに4で設定したDirectlyに追加することも可能です。

マニュアルによる解析(そのつど解析条件を設定、Attributeを入力する方法)

Analysis Workflow を選択します。

Aglent CytoGenomics		/	-					Auto-Proce	ie (Waitin
ytoGenomi	CS 🔂 Hore	Analysis Workflow	Sample	Configure Settings	Supporting Files	O Admin		t	O He
Import sour s import it. Chi	samples and assign a samples and apply the def ck Next to proceed to ste	ault analysis method as a sp 2.	defined in configure se	ttings or choose a d	ifferent analysis meth	rod. In case a des	ign file is not preser	nt go to Supporting Files- Im	port Design ti
Select samp	oles to be analyzed old 'Control' key to mile c Global Display	Select Samples hanges in multiple select Name	te rows at once.	Analysis	Method		View Image) (W. Dele
2) scribe mples	L.								
Run talysis									
									Mont O

1. Select Samplesをクリックし、Tiff画像データ(拡張子.tif)もしくは 数値化データ(拡張子.txt)を選択します。

http://www.initialized.com/org/actionalized.co	hhod antibol is defined in configure settions or choose a different analysis antibol. In case a de dopen Look In: State 2009001000 Lot US1500441 (2009001000 Lot US1500441 (2009001 Lot US150041 (2009001 Lot US1500	nign file is not present go to Supporting Files-Import D Little timage Design File
---	--	--

2. Tifを入れた場合、スライドあたりのアレイの数を確認する画面が表示されます。 Proceedボタンをクリックしてください。

1 SG1448463 8	

- 3. 選択されたデータが画面に表示されます。内容を確認し、Next をクリックします。
- Global Display Name: 解析結果の名前。この画面上で変更することも可能です。
- Analysis Method : デフォルト設定はConfigure Setting の内容が反映されています。この画面上、ダウンリ ストから変更することも可能です。
- Design File: バーコード番号から自動認識されます。

			-			-		
enomics	Home	Workflow	Sample Review	Configure Settings	Files	Admin		
Import sample	es and assign anal	sis method						
Import your samples	and apply the default to proceed to step 2	enelysis method as	defined in configu	re settings or choose a	different analysis meth	od. In case a design	file is not present g	go to Supporting Files- Im
	i a process a rep r.							
Select samples to I	be analyzed Sele	ct Samples						
Press and held Your	test has to make about	east to multifully calls	aled rows at eace				View Incom	de la companya de la
	Global Display Na	me		Analysis	Method			Design File
252983010001_1_1			Defaul	t Analysis Method - CGH	SNP v2	• 02983	0_20100921 - hg19	
252983010001_1_2			Defaul	t Analysis Method - CGH	SNP v2	• 02983	0_20100921 - hg19	
252983010001_1_3			Defaul	t Analysis Method - CGH	SNP v2	• 02983	0_20100921 - hg19	
252983010001_1_4			Defaul	t Analysis Method - CGH	SNP v2	 102983 	0_20100921 - hg19	
					13			

4. 情報を入力します。(CGHのみのマイクロアレイのときはGreen Sample、Red Sampleを入力しなくても解析 可能)

toGenomics	Home	Anatysis	Sample	and a	Configure		Supporting	Admin			Auto-Pr	
Describe san Select which refer	nples ence sample was us	ed in your experiment	and describe your	semp	les. By clicking She	w/Hide	Attribute you c	en ødd more informe	ation about yo	ur samples, Click	Next to	proceed to step
ort plos 'Press and hold 'Cor	strol key to make cl	hanges in milit in the				_		12.8	mport Sample	Attribute File	17 si	ow/Hilde Attribu
0	ilobal Display Nam	se 🔰	Reference		Green Sample	(Cy3)	Red Sample	e (Cy5)	atus	Gender		Polarity
252983010001_1_1		6	reen Sample (Cy3)	•	Select reference	•	Optional	 Raw Imag 			•	
252983016001_1_2		6	reen Sample (Cy3)	•	Select (oforence	•	Optional	• Raw Imag	2		•	
252983010001_1_3		6	reen Sample (Cy3)	٠	Select reference	•	Optional	* Raw Imag	S	-	-1	
252983010001_1_4		6	reen Sample (Cy3)		Select reference		(Optional	* Raw Imag			•	
an yysis												

- Reference: コントロールサンプル側の色素を選択
- Green Sample (Cy3): Cy3 側のサンプルの情報を選択、もしくは入力*
- Red Sample (Cy5): Cy5側のサンプルの情報を選択、もしくは入力*
- Gender : Male/Female

* SureTag Complete DNA Labeling Kitの中に 含まれるReference DNAを使用している場合は、 Agilent Euro Male もしくは Agilent Euro Femaleを選択します。

Keterence	Green Sample (Cy3)
Green Sample (Cy3)	Agilent Euro Male Opt
Green Sample (Cy3)	• Opt
Green Sample (Cy3)	Yoruba Male (NA18507_v1) Opt
Green Sample (Cy3)	European Male (NA12891_V1) Yoruba Female (NA18517_v1) Chinese Female (NA18579_v1) European Female (NA12878_v1 Agitent Euro Male Agitent Euro Female

4. (続き)入力する情報を追加したい場合は、Show/Hide Attributeをクリックし、追加します。 Add をクリックし、新たに作成して追加することも可能です。

ress and hold 'Control' key to make	e changes in multiple	ged. Click Next to proce selected rows at once.	ed to step 3.	import Sample Att	ribute File 🛛 🖉 Si	now/Hide Attribut
Global Display Na	ame	Reference	Green Sample (Cy3)	Red Sample (Cy5)	Status	Gender
52136512371_1_1		Red Sample (Cy5)	Optional •	Optional •	Extracted	
	vrray ID Volarity Comments vrraySet vrraySet sMultiPack AanualQCFlag Hyb'd By Hyb time Hyb Date abeling Method		reren sample Red Sample Gender			

また、Attribute Fileをインポートして入力する場合は、Import Sample Attribute Fileを クリックします。(Sample Attribute File → p.7)

										Auto-Pro	cessing Wa
Genomics	Home	Analysis Workflow	Sample Review	100	Configure Settings	F	apporting Oliver	Adm	in	0	0
Describe sam	ples										
Select which refere proceed to step 3.	nce sample was use	ed in your experiment	and describe your sa	mple	s. By clicking Show/	Hide A	ttribute you can add	more	information about	your sam	iples. Click Ne
s "Press and hold 'Cont	trol key to make cf	hanges in multiple sele	cted rows at once.				import S	ample	e Attribute File	🕼 Sho	w/Hide Attri
G	lobal Display Nam	ne	Reference		Green Sample (0	(y3)	Red Sample (Cy	5)	Status		Gender
252983011345_1_1		6	Green Sample (Cy3)		Agilent Euro Male	•	Optional	•	Raw Image		
252983011345_1_2		6	Green Sample (Cy3)	•	Agilent Euro Male	•	Optional	•	Raw Image		
252983011345_1_3		6	Green Sample (Cy3)	•	Agilent Euro Male	•	Optional		Raw Image		
252983011345_1_4		6	Green Sample (Cy3)	•	Agilent Euro Male	•	Optional		Raw Image		

Attribute Fileをインポートする場合、データを正しくMappingし、Importをクリックします。

يل Aglent CytoGenomics	<u> </u>
CytoGenomics Anima Stande Configure Supporting Anima	Auto-Processing Walting
Operation Sector with Sector with S	Next to proceed to step). Town/lide Attribute Orlarity 1

5. Attribute入力完了後、Next をクリックします。

Aplent DyteGenomics										- 0 -
Cyto Genomi	CS A Home	Morkflow	Sample Review	artice .	Configure Settings	Supporting Supporting	dmia		1	ecessing Help
Describe	samples									
Select which Import Press and ho	reference sample was u	sed in your experimen	t and describe your	sent	oles. By clicking Show/Hi	le Attribute you can add m	ore information about y	our samples. Click e Attribute File	Next to	proceed to step 3. now/Hilde Attribute
Samples	Global Display Nar	TO	Reference		Green Sample (Cv3)	Red Sample (Cv5)	Status	Gender	-	Polarity
252983010001	U		Green Sample (Cy3)		European Male (NA	NA04592	Rev Image			1
252983010001	1.2	6	Green Sample (Cy3)	•	European Male (NA	· NA06231	· Raw Image			1
252983010001	U.	6	Green Sample (Cy3)	•	European Male (NA	NA12878	Raw Image			1
252983010001	UI .	1	Green Sample (Cy3)	•	Europeas Male (NA	NA20409	Raw Image		• 1	1
3 Run Analysis					D ₂					
-								O Back		Next 🧿

6. 解析のサマリが表示されます。Run Analysisをクリックします。



7. 画面が自動的にSample Review画面へと切り替わります。StatusがCompleteになると、解析結果をみることができます。解析結果の確認については p.13 以降をご覧ください。

Sampl	e Attribute 🛛 📖 Genor	ne Overview								0	Q= Type here to 5	Re:	
pplied F	Iters: None Claar Eilters		101 C								Cancel Show	w/Hide	Attribut
- 11	Global Display Name	Status 🐨	Analysis Method	Date-Time	T	QC Status	Reference	16	Green Sample	T	Red Sample	8	DLR
	252983010001_1_1	Running	Default Analysis Method - CGH+	15-Oct-2012 13:51:31		NA							
	252983010001_1_4	Walting	Default Analysis Method - CGH+	15 Oct-2012 13:51:30		NA							
	252983010001_1_3	Waiting	Default Analysis Method - CGH+	15-Oct-2012 13:51:30		NA							
0	252983010001_1_2	Weiting	Default Analysis Method - CGH+	15-Oct-2012 13:51:29		NA							

解析済みのデータを再解析する際は、データの左部分のチェックボックスにチェックをいれ 画面下の「Reanalyze Sample(s)」をクリックします。

(Text Aberration Report • Text LOH Report) の出力先

解析Workflow実施後、自動的にText reportが出力されます。

Configure Setting -> Setting -> Local Setting

Output Folder の項目で設定されている先に保存されます。 デフォルト設定ではインストール時に設定したclientフォルダ内、Workflow Outputフォルダに 保存されます。

				Auto-Proces		
enomics 🟦 🗝	me Analysis Workflow	Sample Review Set	figure tings	X		
Settings						
Global Settings Local Se	ettings Auto-Processi	ng Settings eArray Settin	gs			
These settings are specific to the bas its own configuration for (the CytoGenomics client soft	tware you are currently using. Ir	the case more than one client :	software are configur		
Output Folder	arent Settings					
Select Output Folder :						
Array Input Folder						
Select Array Input Folder :	C:\Use	ers\yukaneda		Browse		
Design Input Folder						
Select Design Input Folder :	C:\Use	ers\yukaneda		Browse		
Sample Attribute File Inp	ut/Output Folder					
Sample Attribute File Input/	Output Folder : C:\Use	ers\yukaneda		Browse		
Notify workflow state in s	system tray					
Allow notifications to dis	play workflow state in system	n tray				

データの階層



フォルダや出力データの名前の設定が可能です。

Configure Setting -> Setting -> Global Setting

下記項目より設定後、画面下「Apply Settings」をクリックします。

CytoG	enomics Analysis Sample Supporting Supporting Admin
Analysis Mothods	Settings
QC Metrics	Global Settings Local Settings Auto-Processing Settings SureDesign Settings These settings will be common to all CytoGenomics client software connected to the same CytoGenomics server installation. Genome Build Settings
Reports Tracks	Default Genome Build: hg19 •
Classification Viewing Preferences	Output Settings for Sample Output Folder O Use Global Display Name O Use Sample Attribute Fields Select Sample Attribute (You may select one or a combination of more than one sample attribute fields to name the signed off cyto report(s) and sample output folder.) Set as Triage title
Notes Partners	Output Settings For Job Name Use timestamp Use Sample Attribute Fields Select Sample Attribute [Selected Attributes: Array ID, Global Display Name] (You may select one or a combination of more than one sample attribute fields to specify the job name.) Prefix text to sample attribute field
	Gain Loss Threshold Cain Threshold Loss Threshold -1.0
	Apply Settings Audit

Text Aberration Report • Text LOH Report の出力形式の設定

Configure Setting -> Reports -> Other Report Settings

CytoG	enomics 🟦 Home 📲 Analysis	Sample Review Settings	pporting S Admin	
Analysis Methods	Reports PDF Report Templates Other Report Settings			
QC Metrics	Edit settings for reports generated during workflow run CGH Aberration Report Parameters			
Reports	Report Type Output Format Probe Based Complete Genome Interval Based Per-Chromosome	Flat Intervals	Min/Max Aberrations	BED Format GCH Aberration Bed Report
Tracks Classification	Interval based report name: IntervalBasedReport Probe based report name: ProbeBasedReport	Append value of att	ibute Global Display Name 🔹	
Viewing Preferences	LOH Report Parameters Min/Max Aberrations	BED Format		出力ファイル名の設定
Settings	LOH report name: LOH_INTERVAL	LOH interval Bed Report Append value of attribute Glob	al Display Name 🔹	/
Notes	Aberration & LOH Report Parameters Flat Intervals	Min/Max Aberrations	BED Format	
	Report Flat Aberration Intervals Aberration & LOH report name: ABERRATION, 8, LOH, INTI	Show Min/Max Aberrations RVAL Append value of	C Aberration & LOH Bed Report	·
	Aberration & LOH report name: ABERRATION_&_LOH_INT	RVAL Append value of	attribute Global Display Name 🔹	

Report Type

Probe Based: 各行に、Aberrationが検出された各Probeの情報を出力 Interval Based: 各行に、検出されたAberration領域情報を出力 Probe & Interval Based: Probe-basedとInterval-basedの両方のレポートを出力

Output Format

Complete Genome: 全染色体の結果を一つのレポートに出力 Per-Chromosome: 染色体ごとに別のレポートを出力

Flat Intervals

Report Flat Intervals: これを選択すると、Nested構造を持たない形で出力されます



例:仮に下のようなAberrationが検出された場合

Flat Intervals ON

Interval	Start	End	Average LogRatio
Interval 1	90,300	91,200	1.0
Interval 2	91,200	91,700	0.5
Interval 3	91,700	92,800	1.0
Interval 4	92,800	93,000	2.0
Interval 5	93,000	94,000	1.0

Flat Intervals OFF

Start	End	Average
		LogRatio
90,300	94,000	1.0
91,200	91,700	0.5
92,800	93,000	2.0
	Start 90,300 91,200 92,800	Start End 90,300 94,000 91,200 91,700 92,800 93,000

Min/Max Aberrations

検出されたAberration領域に含まれる Probe 位置 (Min) と、その隣のProbeの位置 (Max)を出力。

AMP/GAIN/LOSS/DEL の設定

CytoGenomicsではGain/Loss Threshold で設定されたLog Ratioの閾値によって Amplification/Gain/Loss/Deletionの4つに分けてレポートを記載します。



デフォルト設定の場合、 Gain Threshold 2.0 Loss Threshold - 1.0 が設定されており、下記の4つの領域で 表示されます。 Loss Threshold LogRatio Gain Threshold -1 0 2



Amplification; =< 2.0(Gain Threshold) Gain;>0かつ <2.0(Gain Threshold) Loss; <0かつ > -1.0 (Loss Threshold) Deletion; < -1.0 (Loss Threshold)



Aberration Report (.xls形式) 検出されたコピー数変化およびLOHの領域、含まれるプローブ数、LogRatio, p値、遺伝子情報が出力されます。

Index	ArrayN	am Class	Chr	Cytoband	Size(kb)	Start	Stop	Туре	#Probes	p-Value / LOH Score	AvgCGHLR	Gene Names
А												
	1 A	CGH		1 q21.2	540	149,041,013	149,581,094	LOSS	13	9.37E-15	-0.453196	LOC388692, FCGR1C, HIST2H2BF, P
	2 A	CGH		2 p16.3	59	52,709,802	52,768,908	DEL	3	2.82E-17	-1.120499	
	3 A	SNP		2 q32.3 - q3	5,658	193,974,618	199,632,565	LOH	87	6.823217		SLC39A10, DNAH7, STK17B, HECW2
	4 A	CGH		3 q26.1	87	162,524,191	162,611,115	AMP	3	3.84E-47	3.608123	
	5 A	CGH		4 q13.2	206	69,276,368	69,482,146	LOSS	8	2.27E-22	-0.75592	TMPRSS11E, UGT2B17, UGT2B15
	6 A	CGH		5 q13.2	1,787	68,849,594	70,636,824	LOSS	24	1.65E-35	-0.576102	OCLN, GTF2H2C, GTF2H2D, LOC100
	7 A	CGH		5 q35.3	174	178,763,014	178,936,520	GAIN	7	9.49E-11	0.509132	ADAMTS2
				0 - 00 4								

InterbalBasedReport(.xls形式) 検出されたコピー数変化の領域、含まれるプローブ数、LogRatio、p値、遺伝子情報が出力されます。

Aberratio	C	hr	Cytoband	Start	Stop	#Probes	Amplification	Gain	Loss	Deletion	pval	Gene Nan	Classifica	tion
А														
1	. ch	hr1	q21.2	149,041,013	149,581,094	13	0	0	-0.4532	0	9.37E-15	LOC38869	2, FCGR1C,	, HIST2H2B
2	ch	hr2	p16.3	52,709,802	52,768,908	3	0	0	0	-1.1205	2.82E-17			
3	ch	hr3	q26.1	162,524,191	162,611,115	3	3.608123	0	0	0	3.84E-47			
4	l ch	hr4	q13.2	69,276,368	69,482,146	8	0	0	-0.75592	0	2.27E-22	TMPRSS11	LE, UGT2B1	.7, UGT2B1
5	ch	hr5	q13.2	68,849,594	70,636,824	24	0	0	-0.5761	0	1.65E-35	OCLN, GT	F2H2C, GTF	2H2D, LO
6	i ch	hr5	q35.3	178,763,014	178,936,520	7	0	0.509132	0	0	9.49E-11	ADAMTS2		
7	ch	hr8	p23.1	7,239,491	8,079,920	8	0	0	-0.70416	0	4.73E-20	DEFB4B, D	EFB103B, I	DEFB103A,

LOH_Interval Report (.xls形式)

検出されたLOHの領域、含まれるプローブ数、p値、遺伝子情報が出力されます。

Index	ArrayNam	Class	Chr	Cytoband	Size(kb)	Start	Stop	Туре	#Probes	p-Value /	Gene Nam	nes
Α												
1	A	SNP	2	q32.3 - q3	5,658	****	****	LOH	87	6.823217	SLC39A10,	DNAH7, ST

QC Metrix Report (.xls形式) および CGH&SNP Fit(.pdf形式) QC Metrics, LogRatio fitなどデータの品質チェックを記載したファイルです。



マイクロアレイデータおよびコピー数変化領域・LOH領域を画面(Triage View)上で確認します。2つのTriage Viewモードがあります。

Legacy Triage View: ver3.5までのTriage Viewと同じ画面構成および機能です。単一サンプルのみ表示します。 →p.20へ

Triage View: CytoGenomics ver4.0以降で導入された新しいTriage Viewです。Legacy Triage Viewと異なり複数のサンプルを同時に比較できます。 → p24へ

Single Cell Triage: Single Cell解析用のMethodに対応したViewです。お問合せください。

各画面に移行するには、Sample Review から、解析するデータのチェックボックスを選択しTriage ViewもしくはLegacy Triage Viewをクリックします。

ſ	Agilent CytoGenomics 4.0.2.21			-	-	and the second second			08	×
									Auto-	Processing Waiting
	CytoGenomics 🔂 Home 🔳	Analysis Work low	Configure Settings	Supporting Files	2 Admin				X	C O O Help
	Monitor and review samples									
	🔤 Sample Attribute 📕 Genome Overview								Q. Type here to	filter
	Applied Filters: None Clear Eilters Select all reco	ords						Abo	rt/Delete Show	//Hide <u>A</u> ttributes
	🗆 Glo <mark>l</mark> al Display Name 🕷 Status 🕷	Analysis Method 🕷	Date-Time 🕷	QC Status 🕷	Type 🌾	User	76	Reference 🌾	Green Sample 🕷	Red Sample 🖷
	1 S2 US2 502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:02	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08J	Green Sample	European Male (NA	NA04592
	2 US2 502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:02	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA06231
	3 US2 502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:01	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA09208
	4 US 3502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:00	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA20409
	5 🗆 US23502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:52:59	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA12878
	6 Sample1_Vs_Female_256 Analyzed	Single Cell Recommended Analy	07-Jul-2016 18:04:28	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_07Ji	Green Sample		
	<	(>	<	-	>
	() 😌 🎯 🗐 🗮 - Record: 1 of 33	Triage View	age Sngle Cell Triage	<u>M</u> ultisample	<u>с</u> бн & s	NP Plots	QC Metrics	Reanalyze Sample	s Send to <u>P</u> artners	Search Records
-										

Triage View/Legacy Triage View のStatusとアカウント権限

CytoGenomicsでは複数ユーザーが同一のデータを閲覧することを前提に、様々なStatusとアカウント権限を 作っています。

Triage ViewあるいはLegacy Triage Viewにてコピー数変化領域、LOH領域に情報を加えたり情報を編集する にはChange StatusでStatusを変更する必要があります。

CytoGenomics		🇞 View 📄 Copy 🔍 Search 🗊 Sample Info 🚛 QC Metrics १4 Change C U	Change Status Reports
Genome View(AMP: 0, GAIN: 16, LOSS: 19, DEL: 10, LOH: 0)			Check In
			Sign Off
			Unlock
1 2 3 4	5 6 7	, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	20 21 22 X Y

Change Status

				Check Out;自分もしくは他ユーザーによって編集中の状況
nge	Call	🖹 Change Status		Check In;誰も編集していない状況
	_	Check Out	- 274	Sign Off; 編集を終えたLockされた状況(Scientist かAdministratorのみ可能)
		Check In	H (3)	CytoReport出力が可能となり出力画面に移行します。
		Sign Off		
_	- 11	Unlock	Γ.	Unlock; Lockを解除します (Scientist かAdministratorのみ可能)
		Undo CheckOut		Undo Check Out; 他ユーザーが編集中の場合すべての変更を無効化します
, '	40		ÿ	(Administratorのみ可能)

\geq アカウント権限について

同じデータを見れるのは同じSaverを共有しているアカウントのみです。 アカウントには下記の種類があります。CytoGenomicsをインストールしたアカウントの方はAdministrator権限を持ち ます。参照:アカウント追加方法 p.61

- ÷. Technician;データのインプット・解析実行・閲覧・編集できますが各データをSign Offにできません。
- Scientist; Technicianができることはすべて実行でき、且つ、各データをSign Offにできます。 Input/Outputフォル ダの設定やWorkflowの設定変更が可能です。
- Administrator: Technician, ScientistができるすべてのTaskが可能です。且つ、アカウントを追加、データベース セッティングの変更が可能です。

Sample Review から、解析するデータのチェックボックスを選択しLegacy Triage Viewをクリックします。

🛃 Ag	ilent Cyto	Genomics 4.0.2.21					ter termine t	-	and the second		-	08	_ D _ X
	1											Auto-	Processing Waiting
Cy	/to G	enomics	Home Home	Analysis Workflow	Sample Review	Configure Settings	Supporting Files	2 Admin				X	e Help
Mo	nitor ar	d review samples											
	Sample Attribute Genome Overview												
Ар	plied Filters: None Clear Filters 🗅 Select all records Abort/Delete Show/Hide Attributes												
		Global Display Nam	e 🕷 Status	Analys	is Method 🛛 🕷	Date-Time	🕫 QC Status 🕉	Type 😿	User	8	Reference	👸 Green Sample 🖷	Red Sample 🖷
1		US23502418_25298301	000 Analyze	d Default Analy	sis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:02	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08J	Green Sample	European Male (NA	NA04592
2		US23502418_25298301	000 Analyze	d Default Analy	sis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:02	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA06231
3		US23502418_25298301	000 Analyze	d Default Analy	sis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:01	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08J	Green Sample	European Male (NA	NA09208
4		US23502418_25298301	000 Analyze	d Default Analy	sis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:00	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08J	Green Sample	European Male (NA	NA20409
5		US23502418_25298301	000 Analyze	d Default Analy	sis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:52:59	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08J	Green Sample	European Male (NA	NA12878
6		Sample1_Vs_Female_2	56 Analyze	d Single Cell Re	ecommended Analy	07-Jul-2016 18:04:28	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_07J	Green Sample		
<										>	<	-	>
•	• •		of 33	<u>T</u> riage	View Legacy Tria	age ingle Cell Tria	ge <u>M</u> ultisample	<u>с</u> бн & s	NP Plots View Report(s)	QC Metrics	<u>R</u> eanalyze Samp	Send to <u>P</u> artners	Searc <u>h</u> Records

1. 全染色体のデータが画面(Triage View)に表示されます。



 CGHデータの各データポイントはマイクロアレイ 上の各CGHプローブから得られた Log₂(Test/Reference) Ratioの値を示します。

SNPデータの各データポイントはマイクロアレイ 上の各SNPプローブから得られたデータで Allu I, Rsa I 制限酵素で認識されない配列となる ほうのSNPアレルのコピー数("ASCN")を示します。



アルゴリズムにより検出された Referenceに対するTestのコピー数変化領域を表示します。

アルゴリズムにより検出された (cn)LOH・UPD領域を表示します。

特定のAberrationを検索する際、Aberration Interval リスト上でのテキスト検索が可能です。

 をクリックし、テキストを入力します。



例:chr6と入力するとchr6に検出されたAberrationのみが表示されます。



4. Aberration Interval Table上にて、ひとつクリックすると、その領域が画面に表示されます。

enomeView(AMP:	1 9, DEL: 4, LOI	HL 9)				ا منتعد					-		_							Cra 💮	
1	2	3		5	ļ	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18 1	9 30	21 2	2	x Y
romosomeView:	chr6 (AMP: 1,	DEL: 0, 1991	🖶 🕺 CAI 🔕	s' I X	Gene Vie	wischr6 s	7870599	3-792964	89 , 590 KE				55		* *	R P	HO		14	মো 🚳	e i x
4.2 2.2 1.1 1.2 4.1 6.1		·			78.8 Mb 78.89 Mb 79.0 Mb		Amp	lificat	ion inte	rval	:	•	•			1.5			1017 (201	1(055 AID	ant an
2.1 (3.1 (4.3 q26					79.1.005				•	2		-	2			4	Ganas	Jun 19		HIGHING	he 19. v2
-			100.00		19	-		-					-			2.1				K	6' I X
hromosome +	Start	* Stop	* Gene Name	Size(b	(q)	Туре	#Pre	obes	Mean Log	Ratio/LC	H Score	State		Suppr	E35	Classif	fication	È.		Actions	
r6	7,305,646	9,130,528	CAGE1, DSP, RM	F 1,824,883	LOH.		54	ł	6.097			Igorithm	Ge	11					Edit		Notes
15	78,373,161	17,623y328.		49,163	ANNO 14	fication	3		0.778			igontiim	Ge	сШ-					LUIL		HUUES

5. Gene Viewの 🗩 🗩 をクリックすることにより、より拡大・縮小表示が可能です。



6. その他 縦方向・横方向の表示切替 🧑 なども各Viewの右上のボタンにより可能です。



7. Triage View上の表示されている View 🍇 View ボタンから "Setting" を選択し、 各種の画面の表示を調節可能です。

									All Street, Ma	1.1120			N. 2000
enone View (AN	P: 9, DEL: 4, LOH: 9)		44 - X		-	W 100 1		7/72 12	11 2/19	11. 1401		學員才	r Caa 🏟 🖬 🧧
-	e e e e e e e e e e e e e e e e e e e			in an		el pieci		ai ain	-	1		# 14 %	ie ingenie i
i	2	3	4	5	6 7	8	9 10	n	12 13	4 15	16 17 18	19 20 21	22 X
onosomeVie	w: chr1 (AMP: 1, DEL:		Die 🙆 🔹	I I X	Gene View :ch	r1 : 15862444-1	6862444 , 1 Mb					> CI 🖬 🖉 🕅	Da 🧑 🖬 I
-2 -2 -2 -2 -2 -2 -2 -2 -2 -2 -2 -2 -2 -		2 0		4	16.0 Mb 16.1 Mb 16.20 Mb 16.29 Mb 16.29 Mb 16.4 Mb 16.5 Mb 16.5 Mb 16.7 Mb 16.8 Mb	-2 -1		1 2	÷	1 2	3	PELAN Class	TATION CONTRACTOR OF TATION
comoromo	al Start al	Stop	Goog Name	Size(bp)	Type	#Brobo	Mosp Log P	atio/I OH Sc	State	Supprove	Classification	Act	Q s' 3
1	16,354,638 16.	370.251	CLONKA IT ON	15.514	Deletion	11	-0.589	00000000000	Alecrithm G	- Sopproso	diabarroación	Edit	Notes
	104,107,530 10	4,211,056	AMY2B, AMY2A	103,527	Amplificatio	m 4	0.754		Algorithm G		-	Edit	Con final disa
SureFISH	197,114,736 208	5,587,389	PGAP1,SF381,	8,472,654	1 dH	163	18.637		Algorithm G			Edit	Notes
	84,796,650 88,	715,097	VGLL3, CHMP2	3,918,448	LOH .	58	6.558		Algorithm G			Edit	(hotes
	20.121.121 26	880,755	SLIT2, KCNIP4, 0	6.759.635	LOF	124	10.188		Algorithm G			Edit	Notes
4					2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 -								



Classification, Aberration State のON/OFF設定

Triage View(CytoGenomics ver4.0以降の新Triage View)

1) Sample Review から、解析するデータのチェックボックスを選択しTriage Viewをクリックします。

Aglient CytoGenomics 4.0.2.21 CytoGenomics ▲ Home	Analy sis Sample Work Low Review	Configure Settings	Supporting Files	Admin				Auto-1	Processing Waiting
Monitor and review samples									
📑 Sample Attribute 📕 Genome Overview								Qy Type here to	filter
Applied Filters: None Clear Eilters Select all record	ls						Abort	/Delete Show	//Hide <u>A</u> ttributes
🗆 Glol al Display Name 🕷 Status 🕷	Analysis Method	Date-Time 🕷	QC Status 🖷	Type 🕷	User	76	Reference 🐔	Green Sample 🖷	Red Sample 🖷
1 S2 US2 502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:02	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08J	Green Sample	European Male (NA	NA04592
2 US2 502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:02	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA06231
3 US2 502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:01	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA09208
4 🔲 US 3502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:53:00	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA20409
5 🔲 US23502418_25298301000 Analyzed	Default Analysis Method - CGH+	08-Jul-2016 18:52:59	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_08Ji	Green Sample	European Male (NA	NA12878
6 Sample1_Vs_Female_256 Analyzed	Single Cell Recommended Analy	07-Jul-2016 18:04:28	Pass	Manual	AGILENT\jp453503	Job_07J	Green Sample		
<						>	<)
🐨 🐨 🅣 🎯 🏾 - Record: 1 of 33	Triage View	e Single Cell Triage	Multisample	CGH & S	NP Plots View Report(s)	QC Metrics	Reanalyze Samples	Send to Partners	Search Records

横向き表示のみ

Sample Tab

Tab View

Genome View

す。

ます。

Gene View



2) Triage ViewのTabの詳細

US23502418_25	2983010002_S01_CGH	_1010_Aug10_1_1 ×	US23502418_2529	83010002_S01_CGH_1010_4	Aug10_1_4 ×	
Chromosome	Start	Stop	Cytoband	Gene Name	Size(kb)	Туре
chr1	16,354,638	16,370,251	p36.13	CLCNKA, CLCNKB	15.614	
chr1	104,107,530	104,211,056	p21.1	AMY2B,AMY2A,AMY1A,	103.527	Gain
chr2 SureFISH	197,114,736	205,587,389	q32.3 - q33.3	GTF3C3,PGAP1,SF3B1,H	<mark>S</mark> 8472.654	LOH
abri	20,121,121	26,990,755	p15-21 _ p15-2	SLIT2 MIP219 1 KONIDA	6 4759 425	LOH
chr6	7,305,646	9,130,528	p24.3	SSR1,DSP,BMP6,TXNDC5	i, 1824.883	LOH
-L/	70 070 4/4	70 000 000	-14.1		44 4/0	C-1-
Interval Table	CGH Probes SNP P	robes Analysis Method	Gene List/Track	Favorites Common	/ Uncommon Intervals	

Interval Table: call されたAberrationのリスト表示です。

Chromosome	Start	Stop	Cytoband	Gene Name	Size(kb)	Туре	#Probes	Mean Log	ISCN	Suppress	Classification	Count	Act	tion
chr1	16,354,638	16,370,251	p36.13	CLCNKA, CLCN	15.614		11	-0.592	arr[hg19] 1p		• •	0/0		
chr1	104,107,530	104,211,056	p21.1	AMY2B,AMY2A	103.527	Gain	4	0.75	arr[hg19] 1p		• [+]	0/0		
chr2 SureFISH	197,114,736	205,587,389	q32.3 - q33.3	GTF3C3,PGAP1	8472.654	LOH	163	18.644	arr[hg19] 2q		• [+]	0/0		
chr4	20,121,121	26,880,755	p15.31 - p15.2	SLIT2, MIR218-1	6759.635	LOH	124	10.193	arr[hg19] 4p		• [+]	0/0		
chr6	7,305,646	9,130,528	p24.3	SSR1,DSP,BMP	1824.883	LOH	54	6.1	arr[hg19] 6p		• [+]	0/0		
about	79 070 4/4	70 022 220	-44.4		44 470	C-1-	2	0.014	Th = 101 / -	-	=	0.0		
Interval Tab	le CGH Pro	bes SNP P	robes Analy	vsis Method	Gene List/Tra	ck Favori	tes Commo	n / Uncommon	Intervals					

- CGH Probes: 各CGH ProbeのLogRatioを表示します。
- SNP probes: 各SNP ProbeのGenotype情報を表示します。
- Analysis Method: 解析条件を表示します。
- Gene List /Track: 遺伝子リストもしくはTrackをこのタブで選択し、目的の遺伝子をクリックするとGenome View/Gene Viewで該当領域にリンクします。

© Select Gene	List: oncogene	95		• O Select Tra	ick: CNV-D	GV_hg19_v4			Display Annotati	ion
Gene Name	Chr	romosome	Start	Stop		Size(kb)	Cytoband	No. of Probes	Mean Log Ratio	
DCC	chr18		49866541	51062273		1195.732	q21.2	42	0.015	-
DPC4										
E-CAD										
Interval Table	CGH Probes	SNP Probes	Analysis Method	Gene List/Track	Favorite	s Common / Uncom	imon Intervals			

Favorites Tab: Gene List/Track/他のサンプルでCallされた領域を選択し、目的の遺伝子をクリックするとGenome View/Gene Viewで該当領域にリンクします。

	Add to favorites from:	Gene List	• onc	ogenes		•	D <u>i</u> splay Genes To Sele	ct Delete
	Name	Chromosome	Start	Stop	Size(kb)	Cytoband	No. of Probes	Mean Log Ratio
	AKT2	chr19	40736223	40791302	55.079	q13.2	2	0.052
1	1711 00110	010.0			(
In	terval Table CGH Probe	s SNP Probes An	alysis Method Gene L	ist/Track Favorites	Common / Uncommon I	ntervals		

Common/Uncommon Intervals:共通するAberration領域、共通しない領域を表示します。

Common interval:選択したサンプル群に共通するaberration領域を表示します。

	Show 🔿 Unco	mmon Intervals Is to be suppres	Common Int	ervals Co ed from the table.	mmon Interval Overlappin	g Percentag ntaining the	ge Threshold 5	60 70 80 90 100	C Apply Export Report	
	Chromosome	Start	Stop	Cytoband	GeneName	Size(kb)	Overlapping %	US23502418_252983010	US23502418_252983010	Γ
	chr6	78,979,161	79,023,328	q14.1		44.168	100	78,979,161 - 79,023,328	78,979,161 - 79,023,328	
	chr8	39,258,894	39,381,514	p11.22	ADAM5,ADAM3A	122.621	100	39,258,894 - 39,381,514	39,258,894 - 39,381,514	¥
I	1									

Uncommon interval:選択したサンプル群で、あるサンプルではCallされるものの、全サンプルではCallされない aberration領域を表示します。

Show O Uncom	w O Uncommon Intervals O common Intervals Common Intervals Common Interval Overlapping Percentage Threshold Intervals 0 to 80 90 100 S Apply Export Report													
Allow intervals	Allow intervals to be suppressed/unsuppressed from the table. (Allowed for samples containing the exact interval positions.)													
Chromosome	Start	Stop	Cytoband	GeneName	Size(kb)	US23502418_252983010002	US23502418_252983010002							
chr1	16,354,638	16,370,251	p36.13	CLCNKA,CLCNKB	15.614	×.	8							
chr1	104,107,530	104,211,056	p21.1	AMY2B,AMY2A,AMY1A,AMY	103.527	1	8							
4														





CGH Pane

CGHデータの各データポイントはマイクロアレイ上の各CGHプローブから得られた Log₂(Test/Reference) Ratioの 値を示します。検出されたコピー数変化領域を色つきのバーで表示します。

Gene \	/iew (chr15:1	9193452-28719890, Size=	9.22 Mb)							6
	20.0 N	1t 21.0	D Mb	22.0 Mb	23.0 Mb	24.0 Mb	25.0 Mb	26.0 Mb	27.0 Mb	28.0 Mb
2		GOLGÁBLE	NF1P2	MIR3118-4 MIR1268A	NIPA2 GOLGABL	22 NDN	NPAP1	IPW LOC100128714	0ABR03-AS1	GOLGA
GH Pane	•	• • • • • • • • • • • • • • • •	0.668	XADRP2 ORANA	CONTRACTOR		WAS PURNIC	\$116 (00 4	for a for the for the second	NEW PERCE
-2		CHEK2P2 NBEAF	1 LOC	646214 OR4M2	TUBGCP5 HERC2P2	MIR4508 PWRN4	PWRN3 SNRPN	UBE3A ATP10A	GABRB3 GABRG3	OCA2 GOLGA
4- 3-										
a 2 -						• • • • •	• • •	6 êm e e ese energ		.
NS 1-							• • •	• • • • • • • • • • • • • • • • •	• • • •	60 000 0 00 0 0
	1	56 CGH probe(s) and 19	2 SNP probe(s) displaye	d				Interval(s) in region : A	MP=0, GAIN=2, DEL=0, LOSS=0	LOH=1

SNP Pane

SNPデータの各データポイント(0,1,2)は各SNPプローブから得られたデータでAllu I, Rsa I 制限酵素で認識されない配列となるSNPアレルのコピー数("ASCN")を示します。アルゴリズムにより検出された(cn)LOH・UPD領域を色つきのバーで表示します。

その他のToolバーの表示切替機能



Call領域をサンプルカラーで表示するか

サンプルタイプ(Loss/Gain/LOHなど)で表示するかの切り替え

🕼 🔄 CGH Probeのスキャッタープロット/Aberration表示 ON/OFF



4) Addボタンから表示中のTriage Viewにサンプルを追加することができます。



5) Triage View上の表示されている Viewボタンから画面の表示設定を変更することができます。

Cyto Gen	omics			+	Add 🛛 🇞 View	Copy C	Search	🔊 Sampl
US23502418_25	2983010002_S01_CGH	_1010_Aug10_1_1	× 🔲 US23	502418_252983010	002_\$01_CGH_1010)_Aug10_1_4 ×		
Chromosome	Start	Stop	Cytoband	Gene Name	Size(kb)	Туре	#Probes	Mea
1.0	00 440 400	00.004.044			4.44.000	B 1 1	,	5.0

	强 View Preferences		- X	η
Data Visibility: 各Viewlこ表示させ るデータ選択	Data Visibility View All views • Scatter Plot Abercation Green Intensity	Scatter Plot Tooltip Log ratio error envelope Red Intensity	Rendering Patterns Design type Log Ratios Colored filled circle • Green Intensity + sign Red Intensity Circle Aberration	Rendering Patterns: 画面表示
	🖾 SNP Copy Number	S LOH	SNP Copy Number Colored filled circle • LOH Continuous •	
Configure Scales: 画像の スケール	Configure Scales	Signal Intensities Apply Range (10 ^x) 4 Scatter Plot Size Chromosome View Gene View 5	Configure Coloring Schemes Log Ratios Color by Color by Color by Channels Configure Color and Ranges	Configure Coloring Schemes: LogRatio・ Signal Intensityの 色表元調節
Moving Average: Window Sizeの 調節	Moving Average Show Algorithm	Line Width Window Size	 ∽ Show genes in gene view Gene name font size 10 - Gene view size to show probe region 1500 (bp) ∞ Show suppressed intervals 	Cytoband,Gene Nameの表示
Guiding line Gene Viewの色つき綺 の表示設定		<u>Ok</u> <u>Cancel</u> A	Våda	

Sample Note機能

Sample Info から、Sample Noteを選択し、情報を入力することができます。 Noteを変更を加えるには、Change Statusから、Check OutのStatusに変更にしてください。 参照; Triage View のStatusとアカウント権限 p.19

1) Sample Infoから Sample Notesを選択します。



1) Sample Noteのコメント欄に任意の文字列を入力して Addボタンをクリックします。

Sa <u>m</u> ple Notes	Amp/Del <u>I</u> nterval Notes	LOH Interval Notes	
Show in report		Note	Delete
▲ • CommentB			× ^
	Add	Standard Note	▼

Sample ReviewタブのSample Note欄に入力した情報が表示されます。

Cy	toG	enomics 🕜	Home	Analysis Workflow	Sample Review	Configure Settings	Supporting Files	S Admin			
Mo	nitor ar	id review samples									
	Sample	Attribute 📕 Genome	e Overview								Q- Type here
Ap	olied Filt	ers: None Clear <u>F</u> ilters	Select all reco				Abort/Delete Sł				
		Global Display Name 🕷	Status 🕷	Analy 👸	Green Sample 🖷	Red Sample 🕷	DLRSD	8 Polarity	🕷 Sample Not	es 🕷 Expe	ted Spike 🐨 Observed Spik
1		252983032603_1_1	Checked In	Default Ana	Agilent Euro Male	Agilent Euro Female	0.151743	1	commentA	NA	NA
2		252983032603_1_2	Analyzed	Default Ana	Agilent Euro Female	Agilent Euro Male	0.140713	1		NA	NA
3		252983032603_1_3	Analyzed	Default Ana	Agilent Euro Male	Agilent Euro Female	0.163602	1		NA	NA
4		252983032603_1_4	Analyzed	Default Ana	Agilent Euro Female	Agilent Euro Male	0.138796	1		NA	NA

コピー数変化領域・LOH領域を各種データベース と比較 (TriageView上にて)

Sample Review から、解析するデータのチェックボックスを選択しTriage Viewをクリックします。

Trackによる方法

 Triage ViewのGene Viewでは、データがTrack Fileと並んで表示されます。何種類かのTrack Fileは、すでに デフォルトでソフトウェアに存在しています。また、hg19の(hg18にてデータを解析している場合はhg18の) gene 情報が画面に表示されます。

	and the second se	N /*
LCUUCV	I HUUUU	

Triage View

a response of the second	nomics	Necked DubAl)	RENTratutionar)	b View 🎥	Cary 🔍 Search 🗍	Sample info 🕴 📶 QC Metric	n 14+ c	Change Call 🔯 Change Status	Reports	CytoGenomics
GenemerView(AM)	P. 9. DEL: 4. LON	• *: • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	-					Track	1000	Occurrence Tarty Data Data
1 Orencover/flex pi5.73 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.23 pi2.34 pi2.34 pi2	2	Stu t, mit		6 7 Gene Hew ader 13.8 00 13.8 00 13.8 00 13.8 00 13.8 00 14.9 00 1	1 - 15716176.55.4574374.53		a .	1 1 1 1 1 1 1	30 - 1 - X	
-2 Organosome	-1 0 1	2 0	Gene Name Size(bo)	-2	-1 0 1	2 0 1 2	3	4 Gener_hg79	Q v 1 ×	
ch/1	18,254,618	14,170,251	C.D.B.A.C.C.W. 15,654	Deletion	11 0.589	Algorithm G	1.	-		
chr1	104,107,530	134,211,055	ANAVZEJAMIYZA 183,527	Asplitusten	4 0.754	Algorithm G	0	503	Notes	
etw2 SanFEH	117,114,736	205,347,381	PGAP1,5F381018,472,454	LON	163 18.637	Algorithm G		- Fill	Notes	
che3	84,796,650	88,715,097	VILL1,CHHEVE 3,958,448		58 6.558	Algorithm G		Edit	Notes	
chel	29,121,121	25,310,755	SUT2,#CNIP4.0 6,759,435		124 10.186	Algorithm G	6	502	NORS	
chrá	7.305.645	9,110,528	CAGE LUSIP, EWE LIEZE, RKS	NON.	54 6.097	Algorithm G		-01	NOTES.	
Interval Table	COH Proton	SNP Probe	5 Default Analysis Method	1- COA-590		Aprila d.	ž		Holiya Y	

2. それ以外の既存Trackを画面に表示させる場合は、 をクリックします。 Track リストから、表示させる Track のチェックボックスを選択します、

L	egacy Triage	View	Triage View
2 Trans View 200800002,1,1 Charlese Charlese Mitternational	n) 🎝 View 🏪 Copy 🔍 Search 🥅 Sam	ale Indo 🚛 QC Methics 11/2 Change Call 🚺 Change Status 🔯	EXAMPLES OF A CONTRACT OF A CO
Genomer/lew(ANII): 9, DEL: 4, LOH: 9)	analar mining private or and mining ins	w ⇒ ∱ DI Ó ×	Openance But Space Openance But Space Openance Description Descripion <thdescripion< th=""> <thdescr< th=""></thdescr<></thdescripion<>
		C 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	
Operations Stat Stop Game Result ref 16.56.40 16.20.20 </td <td>Sincept Type Profess Non-tog-Rankel DAM Diame 14 0.00 NUSC Non-tog-Rankel 0.00</td> <td>Mixor State Face Constitution Constitution Approtents -<td></td></td>	Sincept Type Profess Non-tog-Rankel DAM Diame 14 0.00 NUSC Non-tog-Rankel 0.00	Mixor State Face Constitution Constitution Approtents - <td></td>	

3. 新たに選択したTrackが並んで表示されます。

表示させたTrackとの重なりを画面上で確認することにより、既知領域との照会が可能です。

1	enonics	1		4	p view P	opy - ca	search	1	sample	1110	E de l	neurics	14	- unan	ge can	1	S Cha	uge 20	atus -	A Real
enomeView(A	MP: 9, DEL: 4, LOP	4: 9)															-1	-	-f- Qa	0 -
	un sinni	a dalama		inder nich	lain airinn		(111)	-	-	-	-	-	-		-	-	<u>.</u>			
i	ź	3	4	5	6 7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19 3	30 21	22	×
romosomeVi	ew: chr6 (AMP: 1,	DEL: 0, 1991	🗏 🚈 🖉 (भा 🦓 ः	Y I X	Gene View schr6	78705999-7	9296489	590 Kb	1111			55	-	-	Ðś			12	S CH	@ = :
4.22					79.9 (1)	6		_	_		•	-	_	_				_		
11	1 S.		1.382		78.8 100		1			:									105	And A
1,20				Present	78.89 Mb				1		•	•								C1415
16.1			1. 20		79.0 Mb			-	-			2010	_							
22.1-				-	79.1 Ab							•								
24.3	12 2		1.1		79.2 /05		+		_									_		
q26	2 5.		1. 1.			-							_					-	_	
-2	-1 0 1	2 0	1 2	3 4	-2	<u>-1</u>	Ó	- t.:	2	0	1	2	3	S - 1	4	Gen	ei_hg1	,	CNV-	26V_hg19
																				R. F.
hromosome	s *1 Start	*1 Stop	*4 Gene Name	Size(bp)	Туре	//Prob	es Me	an Log I	Ratio/LO	H Score	Stat	e	Supp	ress	Class	ificatio	20		Acti	NIS
ir6	7,305,646	9,130,528	CAGE1, DSP, BME	1,824,8E3	Tote	54	6.0	17	_		Algorithm	Ge		6	-	-	25	Edit		Note
10	19,979,161	19,023,328		44,155	Amplification	3	0.9	1.5		1	Agonthin	0e		P.				LUIL		NULE

• SureTag Complete DNA Labeling Kit に入っている Agilent Female Reference とAgilent Male Reference の CNV Trackを表示することが可能です。



 Agilent Female Reference とAgilent Male Reference のCNV Trackにて、 Amplificationは青色、Deletionは赤色で表示されます。

Web 上にあるデータベース (UCSC, OMIM, DGV など) と照会する方法

• Gene Viewで選択されている領域を公的データベース上で照会する場合、画面を右クリックし、照会先を選択します。



• コピー数変化領域・LOH領域に含まれる遺伝子を公的データベース上で照会する場合は、Tab View上の遺伝子名を右クリックし、照会先を選択します。



				Tria	ige	Vie	W						
252543022503	UU X 🔳 2	92983012463_1_3	2 ×										
Chromosome	Start	Stop	Cytoband	Gene Name	Size(kb)	Type	AProbes	Hean Log Ratio	ISCN	Suppress	Classification	Count	Action II
chr1	196,744,721	19 /99,302	431.3	OTHR3/THR1	SI 982	Gein	2	0.58	err(hg19) tq31.3(• [-] 0	0	
chv3	4,070,291	4 14,283	p26.1	ring in cos	193	Loss	3	-0.99	art[hg19] 3p36.5(• H 0	0	
chr4	67,276,368	6 34,090	q13.2	TAPES CHIM	.723	Loss	6	-0.792	art[hg19] 4q13.2(• H a	0	(march (mBerry)) ¥
Interval Table	CGII Probes 58	it robes A	nelysis Method Ge	DGV(hg18)	es Coeve	on / Uncommon Inter	vals						
Hide Genome Vie				UCSC/hg19)	chr10:408	44820-47932152	Ga) * © © ©	(2) Q	4 2 9 2 4	· · · · Q+ 0	👬 🐺 🕼 🦆	
Centerne View (JAMP)	313			UCSC/vg18) IncBi Entres Pubmed GO MEGG(MUM Grogie Custanian			-	H 15		10 10 10 10	77 23	1 1 1	x v
Gene View (dhr10)	45844820-47932153	2, Size-2.08 Mb									/7.1.ab		6
.2				-6.5 90				dence.					î
LDC2027	24022						001102724	A desident of the	10173	1264			
8.		110000	-		LTENCE.	1007100				THOMAS .	6477 (B) 8	T I I I I I	
44		L PROPERTY AND A DESCRIPTION OF A DESCRI	and a second					- sparts			ABOOK		
37							1		Arg				
p* 61% 200-		_	-	_			1						

例:OMIMを選択した場合、各OMIM IDをクリックすると、データベースにリンクします。

OMIM	×
TUSC5	
DI MIMO	OMIM Description
omimGene:612211	Tumor suppressor candidate 5
TRPV1	
OWIW IQ	OMIM Description
omimGene:602076	Transient receptor potential cation channel, subfa
TRPV3	
DI MIMO	OMIM Description
omimGene:607066	Transient receptor potential cation channel, subfa
DPH1	
×.	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
	Close

参照データベース例

- UCSC genomic Browser http://genome.ucsc.edu/
- National Center for Biotechnology Information (NCBI) http://www.ncbi.nlm.nih.gov/
- Ensemble
 http://asia.ensembl.org/index.html
- Database of Genomic Variants (DGV) http://dgv.tcag.ca/dgv/app/home
- GO

http://amigo.geneontology.org/amigo

 KEGG(Human) http://www.genome.jp/kegg/kegg2.html CytoGenomicsに予め存在するデフォルト Track のアップデート

1. Configure Settings からTracksを選択し、Update Tracks をクリックします。

CytoG	en	omics 🔒 Home	Analysis Workflow	Sam le Review	Configur Settings	e Suppor Files	ting 🙎 Admin			Auto-Proce	ssing
Analysis Methods	Tra Sear	tcks ch in column Genome Build	Operator	- • Value			• <u>S</u> earch	<u>R</u> eset)		
M	No.	Track Name	Last updated	Source	Туре	Genome build	User/Owner	Show in UI	Show in R	Act	ion
Reports		Agilent Female CNV Reference	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL	a		Details	Delet
	3	Agilent Male CNV Reference	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL	2		Details	Delet
Tracks	4	CNV-DGV_hg18_v3	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL	1		Details	Delet
	5	CNV-DGV_hg19_v3	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL	1		Details	Delet
assification	•	CpG-Islands_hg18_v2	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Delet
assincation	7	CpG-Islands_hg19_v2	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Delet
4	8	Cytoband_hg18_v2	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Delet
Viewing references	9	Cytoband_hg19_v2	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Delet
346	10	Genes_hg18_v2	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Delet
₩.	11	Genes_hg19_v2	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Delet
Settings	12	miRNAs_hg18_v2	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Delet
e	13	miRNAs_hg19_v2	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Delet
Notes	14	Pseudo Autosomal Regions_hg18	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Delet
<u>\$0</u>	15	Pseudo Autosomal Regions_hg19	01-Nov-2011 10:10:40	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Delet
Partners	16	pathogenic	02-Aug-2013 01:05:20	Cytogenomics dat	Dynamic BED	hg19	AGILENT\yukaneda			Details	Delet
	17	ISCA_Pathogenic	02-Aug-2013 11:54:54	User imported	Static BED	hg19	AGILENT\yukaneda	2		Details	Delet
	18	benign	02-Aug-2013 02:40:09	Cytogenomics dat	Dynamic BED	hg19	AGILE ¹⁷⁷⁷ , chaneda			Details	Dele

2. デフォルトTrackの新しいバージョンが存在する場合は Update Tracks ダイアログボックスが表示されます。 UpdateしたいTrack名の左にあるチェックボックスを選択し、OKをクリックします。

4		opuate Track?
1	Agilent SureFISH_hg19_v2 (^ New)	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
2	Cytoband_hg19_v2	<u></u>
3	miRNAs_hg18_v2	
4	NewTrack1 (* New)	
5	NewTrack2 (* New)	
6	NewTrack3 (* New)	2
7	NewTrack4 (* New)	1
8	NewTrack5 (* New)	2
9	Pseudo Autosomal Regions_hg19_v2	1

Updateが無い場合、下記のボックス が表示されます。

Track U	pdates 🗾
î	No tracks updates are available
	ОК

新規 Trackをインポートする場合

Configure Settings からTracksを選択し、Import Track From BED File をクリックします。

CytoC	ien	omics 🟦 Home	Analysis Workflow	Sample Review	Co Se	nfigure ttings	Supporting Files	Admin		X	0
Analysis Methods	Tr Sea	racks	• Opera	tor 💶 🔹 Val	ue		•	<u>S</u> earch	<u>R</u> eset		
Sh	No.	Track Name	Last updated	Source	Type	Genome b	User/Owner	Show in UI	Show in R	Act	ion
карога		Genes	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL	1	8	Details	Dele
ial I	2	Agilent SureFISH	15-Nov-2012 07:11:29	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
Tracks	3	CNV-DGV_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
		CNV-DGV_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL	5		Details	Dele
. <i>I</i>	5	CpG-Islands_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
lassification	6	CpG-Islands_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
- 2 0	7	Cytoband_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
Viewing	8	Cytoband_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
	9	Genes_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
Q	10	Genes_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
	11	miRNAs_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
•	12	miRNAs_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
Notes	13	Pseudo Autosomal Regions_h	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
	14	Pseudo Autosomal Regions_h	15-Nov-2012 07:10:35	OutoGonomics and	Statio PED	hg19	GLOBAL			Details	Dele

インポートするTrackのビルドと名前を設定し、Track File (拡張子 .bed)を Browse から選択します。



オプション: Trackの色を設定することが可能です。

Track の色は Supporting Files上のTrack名を右クリックすることにより、変更することも可能です。



Track File 例

International Standards for CytoGenomics Arrays) Consortium のデータベースは コンソーシアムのウェブサイトから ログインすることで ダウンロード可能です。 (予めレジストレーションが必要です) ISCA Database custom tracks (NCBI36hg 18 and GRCh37hg 19) (These files contain the CNVs as reported by ISCA laboratories separated by clinical interpretation. These files were last updated in August 2011.)

BED Details tracks contain extra fields that provide links to display additional CNV details BED tracks do not contain extra information and may be suitable for use with third-party software.

BED Tra	icks	BED Details Tracks				
NCBI36/hg18	GRCh37/hg19	NCBI36/hg18	GRCh37/hg19			
Pathogenic	Pathogenic	Pathogenic	Pathogenic			
Likely Pathogenic	Likely Pathogenic	Likely Pathogenic	Likely Pathogenic			
Uncertain	Uncertain	Uncertain	Uncertain			
Likely Benign	Likely Benign	LikelyBenign	Likely Benign			
Benign	Benign	Benign	Benign			

1. Classificationから作る方法 参照; Classification p. 38

Configure Settings からTracksを選択し、Create Track From Query をクリックします。

CytoG	en	omics 🔂 Home	Analysis Workflov	v Sample Review	Co Se	nfigure ttings	Supporting Files	Admin			G
Analysis Methods	Tr Sea	racks	• Opera	tor 💶 🔹 Val	ue		•	<u>S</u> earch	<u>R</u> eset		
Sh	No.	Track Name	Last updated	Source	Type	Genome b	User/Owner	Show in UI	Show in R	Act	ion
nepores		Genes	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL	1	8	Details	Dele
	2	Agilent SureFISH	15-Nov-2012 07:11:29	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
Tracks	3	CNV-DGV_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Del
~		CNV-DGV_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
/	5	CpG-Islands_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
Lassincation	6	CpG-Islands_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
- 🕹	7	Cytoband_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
Viewing Preferences	8	Cytoband_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
Jake,	9	Genes_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
Ц.	10	Genes_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Dele
	11	miRNAs_hg18_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
	12	miRNAs_hg19_v2	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg19	GLOBAL			Details	Del
Notes	13	Pseudo Autosomal Regions_h	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	hg18	GLOBAL			Details	Dele
	14	Pseudo Autosomal Regions_h	15-Nov-2012 07:10:35	CytoGenomics pre	Static BED	b=10	CLOBAL			Details	Dele

Track Nameを設定し、Classificationを設定します。Createをクリックします。

Create Custom Tracks	×
Track Nam	Color
Build Name hg19	Change
Track Query	
Select Interval Classification	Benign •
And	
Select Sample Attribute	Array ID Value
	Create Clear Cancel

Aberration IntervalにClassification を与えた後、Sign Off するとTrackに反映されます。



2. Gene Viewから作る方法

Triage ViewのGene Viewを右クリックし、Create Trackを選択します。



Track名と、領域を設定し、OKをクリックします。

法 Create Track				X
Name	В	uild		_
Description		hg19		•
-Set Chromosome S	tart-Ston-			
Chromosome	Start	9	Stop	
chr3 •	3602287		4602287	
User Defined				
O For complete ger	ne view			
For aberrant regi	on below c	ursor		
Color				
Change				
<u>O</u> k		<u>C</u> a	ancel	

検出されたコピー数変化領域・LOH領域に情報を加える

Sample Review から、解析するデータのチェックボックスを選択しTriage Viewをクリックします。



画面右上のOpen StatusをクリックしCheck Outをクリック。(Sign OFF後の場合はUnlockを選択)



情報を自由に入力(Note)

1. 情報を加えたい領域のTab View上のNote をクリックします。



2. ダイアログボックスに情報を入力し、Add をクリックします。 Show in Report のチェックボックスを選択し、出力Report に情報を表示させることも可能です。

show in report	Note	
		^
		× ·

Notes		
Show in report	Note	
Ê	ILENTY valuated [01-Aug-2013 16.37/28] : der Confirmation	~
••		¥

1. 各Aberration IntervalにClassification を定義付ける場合、最初にClassification を設定する必要があります。 Configure Settingsから Classification を選択し、Create Classificationをクリックします。

Agilent Cyto	Genomics							
CytoG	enomics	Home	Analysis Workflow	Sample Review	Configure Settings	Supporting Files	2 Admin	Auto-Processing Waltin
K.	Classification	a				<u> </u>		
Methods Reports	On this page, you ca interval, you may ap be shown as a new o	an create and man ply this term to th column in the Tria	age a set of terms for at interval. In Triage v ge view. Please click the br	interval classificati iew, you may also s utton below on bol	on. For example, if you o earch intervals and samp ttom of the page to crea	reate a term, 'benign', les by Classification ter ite classifications.	then in the Triage view ms. In addition, you car	, when you right-click an aberrant i choose one of these Classifications I
lassification								
Viewing Preferences								
Ö Settings								
Notes								
83					Create Classification	Apply		

2. Classification の名前を入力し、okをクリックします。

Create Classification	
E <u>n</u> ter Classification Name	
Create Dynamic Track	3. Create Dynamic Trackを選
<u>O</u> K <u>Cancel</u>	択すると次の画面でBuildや Sample Attributeを定義でき ます。
Create Custom Tracks	
Track Name Dynamic Track -Name	
Build Name hg19	
Track Query	
Select Interval Classification CVN	
And	
Select Sample Attribute Array ID • Value	
Create Clear Cancel	

4. 作成されたClassificationがリストに加わります。Show as column in Triage ViewのチェックボックスにクリックしApply をクリックすると、Triage View上にカラムが追加されます。

🔥 Agilent Cyto	Genomics		44	11.04	
CutoC	onomico Au	Analysis	Supporting	0	Auto-Processing Waiting
Lywa	CIIUIIICS I Home	workflow Review	Settings Files	Admin	@ Help
Analysis	Classification				
Methods	On this page, you can create and man interval, you may apply this term to th to be shown as a new column in the T	age a set of terms for interval classification at interval. In Triage view, you may also se riage view.	on. For example, if you create a term, 'benign earch intervals and samples by Classification to	, then in the Triage view, whe erms. In addition, you can cho	en you right-click an aberrant lose one of these Classifications
Reports	No. Show as column in Triage view	v Name	Created By	Creation Date	Action
11	1 🗆	Benign	AGILENT\yukaneda	16-Nov-2012 16:02:30	Delete
Tracks	2 🖾	InHouseDB	AGILENT\yukaneda	16-Nov-2012 16:04:23	Delete
lassification					
20					
Viewing Preferences					
Settings					
Notes					
8		CĔ	eate Classification Apply		

5. Aberration IntervalにClassificationを与える場合は、Triage View/Legacy Triage Viewを開き、Change Statusから Check OutのStatueにします。

	🇞 View 📑 Cop	y 🔍 Search	Sample Info	QC Metrics	Î↓† Change Call	Change Status
--	----------------	--------------	-------------	------------	-----------------	---------------

6. TriageView/Legacy Triage Viewの Interval Table にて Classificationのカラムで追加したいClassification名を選択してOKボタンをクリックします。

Chromosome	Start	Stop	Cytoband	Gene Name	Size(kb)	Туре	#Probes	Mean Log R	15	CN	Suppress	Classification
chr1	196,744,721	196,799,302	q31.3	CFHR3,CFHR1	54.582	Loss	3	-0.871	arr[hg	9] 1q3	. 🗆	• [+]
chr3	4,070,291	4,134,283	p26.1		63.993	Gain	3	1.071	arr[hg	9] 3p2.	TestClassigicat	ion [+]
chr4	69,276,368	69,483,277	q13.2	TMPRSS11E,UG	206.91	Gain	5	0.896	arr[hg	9] 4q1.	Test2	[+]
Interval Table	e CGH Probe	s SNP Probe	s Analysis N	lethod Gene	List/Track	Favorites (Common / Uncomm	non Intervals		-		

7. classification の項目に、設定した内容が入力されます。

Chromosome	Start	Stop	Cytoband	Ger	ne Name	Size(kb)	Туре	#Probes	Mean Log Ratio/LOH	. ISCN		Suppress	Classification	_
chr1	196,744,721	196,799,302	q31.3	CFHR3,CF		54.582		3	-0.871	arr[hg19] 1q31.3(19	7		TestClassigication	• [+]
chr3	4,070,291	4,134,283	p26.1			63.993	Gain	3	1.071	arr[hg19] 3p26.1(4,('0			• [+]
chr4	69,276,368	69,483,277	q13.2	TMPRSS11	1E,UGT2B17	206.91	Gain	5	0.896	arr[hg19] 4q13.2(69	7			• [+]
Interval Table	CGH Probes SNP Probe	s Analysis Method	Gene List/Track	Favorites	Common / I	Jncommon Intervals								

8. Change Statusから Sign Off のStatusに変えてください。

View 🛛	Copy 🔍 S	Search 🗾 Si	mple Info 👔 QC Me	trics Total C	nange Call		Change Status Check Out Check In		Reports
ize(kb)	Type	#Probes	Mean Log Ratio/	ISCN	SUD	pr S	ign Off	ssif	cation

- 1. Triage View もしくはLegacy Triage Viewを開きます。
- 2. 結果に変更を加える場合は、Change Statusから、Check Out をクリックします。そうすると、画面がCheck Outの 状態になります。(画面左上に"Check Out"と表示)

🇞 View 💼 Copy 🔍 Search 🍺 Sample Info	QC Metrics The Change Call Change Status Check Out
🇞 View 🖺 Copy 🔍 Search 🗾 Sample Info	QC Metrics
└────────────────────────────────────	
Add CallSuppress/Un-Suppress Intervals	수 Change Call Change Status Add Call

- 4. Change Status から Check In を選択すると、変更内容を保存したままTriage View を閉じることができます。 後にさらに内容を変更すれることが可能です。Sign Off の前にIntermediate Cyto Reportを確認する場合 は、画面右上の をクリックします。
- 5. Change Status から Sign Off を選択すると、CytoReport が作成可能となります。Sign Off を選択すると、Sign Off の確認画面が表示されます。OK をクリックします。



6. Sign Off をすると、Report 作成のプロセスに移ります。

ytolie	nomics			a v	iew 🏙 G	opy 🔍 Si	arch 🛛 🔂 Sampl	le Info	QC Metrics	1 14	Change Cal		Change Stat	us De Repr
enomeView(AM	P: 9, DEL: 4, LOH: 1	9											* 84	- Dia 🍅 🐨 🤊
-	a 🤖	-	Jennie je staline je st Je staline je		-	-		-		•	ini pa	-	-	e verei e
1	ż	3	4 6	enerate sign off	reports				-X	15	16 17	18 19	20 21	22 X
romosomeView	vi chril (AMP: 1, DE		CER @ C	yto report wil	h the below I	template will	be generated after	signing off t	ne sample:		▼ ▲⊕			Ca 🙆 🖬 J
2.3 1.2 2.2 3.3 1.1			4.4.0	ther reports i	that will be g	enerated: rration Repor	t 27						andrant real	
5.3 2.1		2 0		LOH I	leport ation & LOH I	Report	8 8	Proceed	Cancel		2	3 4	Ge	nes_hg19
944 B					Terra	#Drobos	Heap Log Patio/	OH Se	State	Suppre	classif	ication	Ac	Q sr 3
-2	+ Start +	Stop +	Gone Name	Size(bp)	1 VDR		PROPERTY AND A DESCRIPTION OF A DESCRIPR			adhb.c.	in laighter	COLICI	r dia	-
-2	* Start *	Stop *	Gene Name	Size(bp)	Detetion	11	-0.589	Algo	ithm G					
-2 -2 1 1	* Start * 1 16,354,638 1 104,107,530 1	Stop * 6,370,251 04,211,056	Gene Name	Size(bp) 15,614 103,527	Detation Amplification	11	-0.589 0.754	Algo Algo	ithm G	0		1	Edit	Alates
aromosome 1 2 2 SateFSH	 Start *1 16,354,638 104,107,530 197,114,736 	Stop * 6,370,251 04,211,056 05,587,389	Gene Name AMY28,AMY2A PGAP1,SF381,H	Size(bp) 15,614 103,527 8,472,654	Detetion Amp8fication	11 4 163	-0.589 0.754 18.637	Algo Algo Algo	ithm G ithm G ithm G			-	Edit Edit	Notes Notes
1 1 2 3 3	 Start * 16,354,633 104,107,530 197,114,736 84,796,650 	Stop * 6,370,251 04,211,056 05,587,389 8,715,097	Gene Name AMY28,AMY28 PGAP1,SF381,H VSLL3,CHMP28	Size(bp) 15,614 103,527 8,472,654 3,918,448	Detetion Amplification	11 4 163 58	-0.589 0.754 18.637 6.558	Algo Algo Algo Algo	ithm G ithm G ithm G				Edit Edit Edit	Notes

- CytoReportの作成については、すでに定義されたレポートフォーマットをダウンリストから選ぶか、 Addをクリックし、新たにレポートフォーマットを作成します。
 参照;レポートフォーマットp.44
- その他、Interval based Aberration Report、LOH Report、Aberration & LOH Reportも出力することが 可能です。



 Proceed をクリックします。結果が出力されると、下記のメッセージが表示されます。 すぐに結果を確認するときは、Yes をクリックします。 あとで確認する場合は No をクリックします。

Cyto Report		×
Cyto report is generated successf	ully. Do you w	ant to open folder containing signed off report?
	Yes	No
	_	

8. Sign Off 後に内容を変更する場合は、Change Status からUnlock を選択します。

Image View (25	29830100051111	Keviewed:Abilit	NU/dhuffman]											-			
Syto Ge	nomics	1		20	View 🚞 Co	ify 🔍	Search	17	Sample in	fo	QC Me	trics	il+ a	hange Ca	1	Change Status	Re Re
enome view AN	P: 9, DEL: 4, LOP	4: 9)													Ghe		6000
-	a interest			ainin ni	nin nin	And the second				-		-	4 j	ių ju	Star Mil Unb	ock ³	
i	ź	3	4	5	6 7	8	9	10	ń	12	13	14 1	5	16 17	18	19 20 21 2	2 x
romosomeVier	wa chr1 (AMP: 1,	DEL: 83	(n () -	ZXC	iene View :chr1	: 15862464-	6862444 ,	1 Mb				-		A. (B.)	8 🔳 👁		Da 🍈 🖉 J
3,2 2,3 1,2 2,2 3,3 1,1 1,2 2,2 3,3 1,1 1,2 2,2 1,1 1,2 2,2 1,2 1,2 1,2 1,2		2 0		3 4	16.0 Mb 16.1 Mb 5.20 Mb 5.20 Mb 16.4 Mb 16.5 Mb 5.59 Mb 16.7 Mb 16.8 Mb	2 -1	e 			2	è	•	2		3	4 Gens	
hromosome	A Start	Stop	Gene Name	Size(hp)	Type	#Probe	s Mear	n Log Re	tio/I OH	Sc	State	Supr	ress	Classif	ication	Acti	ons.
it.	16,354,638	36.370,251	GORACIOI	15.614	Detetion	11	-0.58	9			Algorithm G.	-				Edit	Notes
r1	104,107,530	104,211,056	AMY28,AMY2A	103,527	Amplification	4	0.754	í		1	Igorithm G.	. 6	3			Edit	Noises
2 SureFISH	197,114,736	205,587,389	PGAP1,SF381,H	8,472,654	LOH	163	18.63	17		1	algorithm G.	. t				Edit	Motes
r3	84,795,650	88,715,097	VGLL3,CHMP28	3,918,448	LOH	58	6.558	1		1	Uporithm G.,	. 1				Edit	Notes.
r4	20,121,121	26,880,755	SLIT2,KCNIP4,G	6,759,635	LON	124	10.18	8		1	Algorithm G	. 1				Edit	Notas
i .	10. MAR. A 44	6.458.570	DADES MED BAS	A 00 X 003	Contract of Contract of Contract	5.e.	1 1033				14 H.A. 10					Film 1	

9. 確認画面が表示され、OKをクリックします。

Confirm	-	×
O "Unlock" will make th	ne signed off "Tri	age Record" available for editing again.
Are you sure you wan		Thage Record :
	Qk	<u>c</u> ancel

10. その後、内容の変更を行い、Sign Offを実施し、レポートを再度作成した場合、 同じファイルに出力されていきます。

最も最近に変更したもののレポートファイル名が「…_Signed Off」という名前になります。 一番最初に変更したものから順に、「…_Outdated_1」、「…_Outdated_2」となります。 Sign Off 後の出力データはインストール時に設定したServerフォルダの中の CommonStorage_X.X.X.X_XXXの中、「Workflow Output」フォルダに保存されます。



もしくはSample Review からデータを選択し。View Reportをクリックすることで、表示させることもできます。



CytoReport の内容を変えたいとき (オプション)

Configure Settings タブ: Report を選択

• PDF Report Templates: CytoReport の出力形式を設定

CytoG	enc	Mics Analysis	v E Sample Confi Review Setti	igure ings Supporting Files	Auto-Processing Waiting	
Analysis Methods	Rep PDF	ports Report Templates Other Report Settings				
	No.	Template Name	Creation Date	Creator	Action	
Reports	1	Default Cyto Report Template - CGH	15-Nov-2012 19:10:35	AGILEN	View Delete	デフォルトの設定内容を
<u>, 11</u>	2	Default Cyto Report Template - CGH + SNP	15-Nov-2012 19:10:35	AGILEN	View Delete	確認する場合は
Classification Classification Viewing Preferences Settings Notes						Viewをクリック
Partners			Crea <u>t</u> e Templa	ate		

- 1) 新たに作成する場合はCreate Template をクリックします。
- 2) 任意のTemplate Nameを記入してOKボタンをクリックします。



3) Cyto Reportに入れたいHeader,Footer,加えたい数値項目、フォーマットを選択し、Saveボタンをクリックします。

Header	Genome View Orientation O Vertical Horizontal Ghow SNP Pane	Cyto Report Cyto Report
trot trot trot trot trot trot trot	Orientation O Versital () Martanatal () Serve DP Prese () Operations of the state of the state of the state () Serve DP Prese () Serve DP Pres	Sergie Information
	Circletotor O Versiol O Versional Circletotor O Versional O Versional Circletotor Definition State In Indu Circletototor Definition State Indu O Obsenuit Science Industry State O Obsenuit Science Industry Trades	
Sample Information © Sample Morenation Title: Sample Attribute Section Number of Reids: 1 2 Add	Test Allerstelles Table View Costand Costand Phyloge Star-Stage Star-Stage Star-Stage Costand Phyloge Phyloge Costand Phyloge Phyloge Costand Phyloge	
Devisite-Ottopfadu/D Betwine-Ottopfadu/D to Debte	LOMMannah.Tale Sine 20 Annah.Tale Comments and 20 Annah.Tale Comments 20 Annah.Tale	Footer Footer
Store (SHBSRD Of Matrice	Differt Differt Differt Differt Differt	Genome View Amp/Gein/Loss/Det Intervals Table ISCH Nomenclature Analysis Settings
With New Address	DOv7 DOv1 DOv1 DOv1 DOv1 DOv1	Chromosome View LOH Intervals Table Genomic Region
Show ISON Nomenclature information	Doka Doka Doka Doka Doka Doka	Gene View Sample Information Standard Notes
⊡ How Audy's Settings □ Show Audy Trail Contents © Show Holes	C General Region Orannesses Salt 3 Sart 9 S	
< 0 × Next > Can 4	ada Mexta Care I	Back Save 5 As Cancel

デフォルト以外の新規の解析methodを作成するとき (オプション)

Configure Settings > Analysis Methods を選択します

Methods	lysis Method Design Mapping					
No.	Method Name	Creation Date	Creator	Status		Action
Metrics	Default Analysis Method - CGH+SNP v2	18-Jul-2014 14:07:04	AGILENT\jp453503	Public (View/Save As	Ð
2	Mosaic Analysis Method	18-Jul-2014 14:07:05	AGILENT\jp453503	Public	View/Save As	Ð
Reports	Default Analysis Method - CGH v2	18-Jul-2014 14:07:03	AGILENT\jp453503	Public (View/Save As	Ð
<u>. 11</u> 4	Single Cell Analysis Method - CGH v1	18-Feb-2014 12:10:10	AGILENT\jp453503	Public	View/Save As	Ð
Tracks	Single Cell Long Low Aberration Analysis Method	29-Oct-2014 12:12:12	AGILENT\jp453503	Public (View	Ð
1	Single Cell Recommended Analysis Method	26-Sep-2014 17:34:10	AGILENT\jp453503	Public	View	Ð
Classification 7	Single Cell Small Aberration Analysis Method	26-Sep-2014 17:16:20	AGILENT\jp453503	Public (View	Ð
Viewing Preferences						
Viewing Preferences Settings Notes	デフォルトで存る	ク 在するAnalysis m	hethod			

新しいMethodを作る方法 その1

1. Create Analysis Methodをクリック。Method 名を入力してOKをクリックします。

Analy	ysis methods				
Analy	sis Method Design Mapping				
No.	Method Name	Creation Date	Creator	Status	Action
1	Default Analysis Method - CGH+SNP v2	16-Oct-2012 13:05:08	AGILENTschuffman	Public	View/Save As Export
2	Mosaic Analysis Method	16-Oct-2012 13:05:09	AGILENT\dhuffman	Public	View/Save As Export
3	Default Analysis Method - CGH v2	14.0++ 2012 12-05-07	ACILIDATE Confirmen	Public	View/Save As Export
		Ŀ			

2. Analysis methodダイアログボックスが表示されます。

inalysis Method	Description				
My custom method -					
Filter Before Analysis	Metric Set Filter Parameter Panel				
Metric Set Filter	You can select an existing filter from the drop-dr	wn list below, or create a r	new filter.		
Design Level Filter	Edit Metric Set Filter				
Array Level Filter	Name	• Metri	e Set CytolGH_Q	CW.T_Seat2	•
Combining Realizator	Metric	Operator	Value	Logical Operator	New Condition
Intra-Array Replicates		R			Dejete Condition
Normalization					
Centralization (legacy)					
GC Correction	·				
Diploid Peak Centralization	01.000.000.000.000				
Aberration	the incluse matching values of Ex-	choic doc could some			
O Z Score		Now	Agen Az	Reset	
O ADM-1					
O ADM-2					

新しいMethodを作る方法 その2 (既存のmethodをもとに作成する場合)

1. もとにするMethodのView/Save Asをクリック

JUU			Workflow	Review	Settings	Files			0
ris ds	Anal	ysis methods ysis Method Design Mappir	ng						
	No.	Method Name		Creation Date		Creator	Status		Action
	1	Default Analysis Method - CGH	+SNP vZ	16-Oct-2012 13:05:08		AGILENT\dhuffmen	Public	View/Save As	Export Delete
	2	Mosaic Analysis Method		16-Oct-2012 13:05:09		AGILENT\dhuffman	Public	View/Save As	Export Solitio
s	3	Default Analysis Method - CC	GH v2	16-Oct-2012 13:05:07		AGILENT\dhuffman	Public	View/Save As	Exp et Objete
-									
ny nces			l⊋r						

2. Analysis methodダイアログボックスが表示されます。Save Asをクリック。

nalysis Method	Descriptio	on					
Default Analysis Method - CGH v2	• Default	Analysis Method - CG	H v2			* Changes in a publ	ished analysis method will not i
Filter Before Analysis	Metr	ic Set Filter Para	ameter Panel				
Metric Set Filter	You can	select an existing fi	lter from the drop-dow	n list below, or create a n	ew filter.		
C Design Level Filter		Edit Metric S	iet Filter				
Array Level Filter		Name		* Metrie	Set CytoCGH_C	CMT_Sep12	•
Combining Rouficator			Metric	Operator	Value	Logical Operator	New Condition
Contoning Replicates						De	Delete Condition
Normalization							
Centralization (legacy)							
@ GC Correction	1						
C Diploid Peak Centralization		O Include mi	atching values O Excli	ide matching values			
Aberration							
O Z Score				<u>N</u> erw ≦ave	Sava As	Reset	
O ADM-1							

3. 新しいMethodの名前を入力し、OKをクリック

nalysis Method	Description
efault Analysis Method - CGH v2 *	Default Analysis (Nathord - COH 42) Changes in a published analysis method will not be s
Filter Before Analysis	Metric Set Filter Parameter Panel
Metric Set Filter	You can select an existing filter from the drop-down list below, or create a new filter.
© Design Level Filter © Feature Level Filter □ Array Level Filter	Edit Metric Set Filter Name Metric Set CytaCGH_QC00T_Sep12
Combining Replicates Intra-Array Replicates	Creeze Analysis Method Enter Analysis Method Nam [Default Analysis Method - CGH v2] Default Analysis Method - CGH v2 Default Analysi
Centralization (legacy) GC Correction Diploid Peak Centralization	O include matching values O Exclude matching values
Aberration 2 Score ADM-1 Ø ADM-2	Sava Sava As Reset

4. 各項目の設定を入力してください。参照;解析Method設定各項目 p.49

🖄 Analysis method							×
Analysis Method	Description						
Custom CGH method -							
Filter Before Analysis	Metric Set Filter Pa	rameter Panel					
Metric Set Filter	You can select an existing	filter from the drop-dow	n list below, or create a	new filter.			
🗇 Design Level Filter	Edit Metric	Set Filter					
Feature Level Filter	Name		• Metr	ic Set CytoCGH_Q	CMT_Sep12	•	
Array Level Filter							
Combining Replicates	_	Metric	Operator	Value	Logical Operator	New Condition	
Intra-Array Replicates						Delete Condition	
NormeEvation		La Carteria de Car	t.				
Centralization (legacy)							
GC Correction							
Diploid Peak Centralization							
	O Include	matching values 🔘 Exclu	ide matching values				
Aberration							
O Z Score			Now Save	Sava As	Reset		
O ADM-1							
		Court for	Alleh Cours and Ch	Clara			
	24	Save As	save And Cit				

例: Design Filterの設定

nelvsis Method	Descriptio	pn			
Custom CGH method					
Filter Before Analysis	Design	Level Filter Parameter Panel			
Metric Set Filter	You can se	elect an already existing filter from the d	rop-down below or can create a n	ew filter.	
🐨 Design Level Filter		Edit Design Level Filters			
Teature Level Filter		Name Default Deslen Filter	.)		
Array Level Filter					
Combining Replicates	R	Attribute	Operator Valu	e Logical Operator	New Condition
Winten Array Bankatar		Homology	• • • 0	• OR •	Delata Condition
Contra stray representation		IsPseudoautosomal	·]- ·]1	· · · · ·	D. Deleter and the second
Normalization		<u></u>			_
Centralization (legacy)					
@ GC Correction					
C Diploid Peak Centralization			=	゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚゚	フィル.ター
		O Include matching values O Exclu	ude matching values	JA 101-01.	1105
Aberration					
CZ Score			Now Save Sa	we As Reset	
O ADM-1					
O ADM-2					
	4				

4-1. デフォルトのフィルターに手を加えたオリジナルのフィルターを設定する場合 Save Asをクリックし、新たに作成するフィルターの名前を入力

uston CGH method - Filter Before Analysis Desif Metric Set Filter © Design Level Filter	gn Level Filter Parameter Panel n select an aready existing filter from the d				
Filter Before Analysis Desit	gn Level Filter Parameter Panel n select an already existing filter from the d				
Metric Set Filter You car Design Level Filter	n select an already existing filter from the d				
🐨 Design Level Filter		irop-down below or ca	n create a new filter	r.	
	Edit Design Level Filters				
© Feature Level Filter □ Array Level Filter	Name Default Design Filter		9		
	Attribute	Operator	Value	Logical Operator	tiew Condition
Combining Replicates	Homology	• • • • •		• 08 •)	Contraction of the
@ Intra-Array Replicates	IsPseudoautosomal	· /- (- · · · ·	_	• •	Dejete Condition
Normalization		Enter		Junk Land	
Centralization (legacy)			nter name for new	filter	
@ GC Correction			1 1		
Concern Peak Centralization			OK		
The second state state state state state states	O Include matching values O Excl	ude matchin			
Aberration					
O Z Score		Now	Save As	Resol	
O ADM-1)	
O ADM-2					

4-2. New Condition/Delete Conditionにより、項目を追加/削除可能。 また、各項目のAttributeをダウンリストから選択し、数値などを入力。 作成後、Saveをクリックします。

nalysis Method	Descriptio	n				
Sustan CGH method						
Filter Before Analysis	Design	Level Filter Parameter Panel				
Metric Set Filter	You can set	lect an already existing filter from the de	op down below or can c	reate a new filter.		
Tore Design Level Filter		Edit Design Level Filters				
S Feature Level Filter		Name curter Alter				
Array Level Filter		Contraction affilter	3			
Constitution Reality		Attribute	Operator	Value	Logical Operator	New Condition
combining replicates		Homology	· · · [0		• OR •	Balaka Gan dilian
W Intra-Array Replicates		IsPseudcautosomal	· - · · · · · ·		<u>.</u>	Dejete condition
Normalization						
Centralization (legacy)						
🐨 GC Correction			10			
Diploid Peak Centralization						
2011-11-11-11-11-11-11-11-11-11-11-11-11-		O Include matching values O Exclu	de matc ^h ing values			
Aberration			Contraction Contractor	Director and		
ATTA TO A AND A			<u>N</u> w ≦ave	<u>541</u> 2.45	Reset	
O ATAM-1						
O Z SCORE O ADM-1 O ADM-2						

4-3. 各項目の変更が終了したら、Save and Closeをクリックします。

nalysis Method	Description				
uston CGH method -					
Filter Before Analysis	Design Level Filter Parameter Panel				
Metric Set Fliter	You can select an already existing filter from the drop	down below or can	create a new filter.		
🐨 Design Level Filter	Edit Design Level Filters				
🕼 Feature Level Filter	Mana and Aller				
Array Level Filter	Californi Hiter		0		
	Attribute	Operator	Value	Logical Operator	New Condition
companing weplicates	Homology	0		OR	
@ Intra-Array Replicates	IsPseudoautosomal	· l- · lt		A	Defere concirior
Normalization					
Centralization (legacy)					
@ GC Correction					
Puploid Peak Centralization					
	O Include matching values O Exclude	matching values			
NAMES OF TAXABLE AND TAXABLE					
Aberration					
Aberration O Z Score O 4794 1		Nerw	Save As	Resul	

解析method 設定 各項目 (オプション)

Filter Before Analysis

■ Metric Set Filter: QC Metricの項目によるフィルタ

etric Set Filter Parameter Panel				
can select an existing filter from the dro	p-down list below, or c	reate a new filte	r.	
dit Metric Set Filter				
Name test	Metric	Set CytoCGH O	CMT Oct12	•
		of the online of		
Metric	Operator	Value	Logical Operator	New Condition
	operator	raide	Logical operator	- ne <u>n</u> condition
RestrictionControl				Delete Condition
RestrictionControl				Dejete condition
g_Signal2Noise				
r_Signal2Noise				
rRepro				
r_BGNoise				
g_SignalIntensity				
g_BGNoise				
Destantion D. Course of the State				

■ Design Level Filter (推奨)

Reference genomeに対して100% match領域が2つ以上あるプローブや、100% match領域以外に高い相同性 を示す領域をもつプローブ("Homology=1"のプローブ)データを解析から排除することができます。

Name t	est		•		
	Attribute	Operator	Value	Logical Operator	New Condition
Homolog	у)	·	
Homolog	sy.				Delete Condition
IsPseudo	oautosomal				
Perform	anceScore				
Number	UTPerfectMatch				
Chromos	iomall ocation list				
Chromos	somalLocationList				

■ Feature Level Filter(推奨)

Green (Cy3) もしくは Red (Cy5) の各プローブデータついて、数値化時に付加されたフラグ情報等に基づき、 解析に含める(解析から排除する)データを選択。

■Green (Cy3) , Red (Cy5) のSaturationのフラグデータ ■Green (Cy3) , Red (Cy5) のFeatureNonUniformity Outlierデータ

 Log₂ratio=0のデータ[※]を解析から排除
 ※Red、Greenの両チャンネルのシグナルが低く、サロ ゲーションされているもの

ature	Level Filter Parameter Pane					
an sel	ect an existing filter from the drop-o	iown t	ist belo	w, or create a new filter	N	
die Fre	ature Louis Filteres					
ait re	ature Level Filters			_		
Name	Default Feature Filter v2			•		
	Attribute	Ope	erator	Value	Logical Operator	New Condition
glsSati	urated •	=	•]	true •	(OR •)	
rlsSatu	urated •	-	•	true •	OR •	Delete Condition
glsFea	tNonUnifOL •	=	•	true •	OR •	
rlsFea	tNonUnifOL •	-	•	true	OR •	
LogRa	tio •	-	•	0 .	·)	

ray Level Filter Parameter Pa	nel			
can select an existing filter from the	drop-down list below, o	r create a new filt	er.	
dit Array Level Filter				
Name test				
Raile				
Attribute	Operator	value	Logical Operator	New Condition
Array ID	· · · ·		••	
Array ID	A			Delete Condition
Array type				
Global Display Name				
Green Sample				
Hyb Date				
Hyb time				
Hyb'd By				
Income Market				

■ Array Level Filter Attributeによるフィルタ

Combining Replicates

■ Intra-Array Replicates(推奨)

Intra-array replicates は同じマイクロアレイ上の同じプローブ配列をもつプローブデータを1つにします。 このような繰り返しプローブを1つに "combine" することは、解析に際の統計的検出力を増加させま す。

Normalization

Centralization (legacy)	
全体のLog2Ratio値を中心に合わせなおします。	Centralization (legacy) Parameter Panel
(そのリンノルで取らcommonな信数体をOIとします。)	Linear normalization routine for 2 color CGH data. By adding or subtracting a constant from the log ratios of all the probes, it makes the most common ploidy of the data the new zero value. The two parameters specified below can be left to the default values.
	Centralization Threshold 6.0

■ GC Correction (推奨)

ゲノム領域のGC含量に起因する "wavy" テクニカルアーチファクトを生じることがあります。各プロー ブについてWindow Sizeにて設定した近傍領域についてGC含量のregression fitを行いアーチファクトを 補正する。CGH、SNP解析、LOH解析時に併用することを推奨。

GC Correction Parameter Panel			
The GC correction algorithm corrects for "	wavy" artifacts tl	hat are associated	with the GC content of genomic regions.
	Window Size	2КЬ •	

■ Diploid Peak Centralization(推奨)

2コピーとして検出されているCGHデータ群のLog2Ratio値を中心に合わせなおします。

Genomic Boundary

Genomic Boundary

Aberration Callをする領域を限定するフィルターです。全体の結果に影響を及ぼしえるため、 問題となる領域が分かっている場合にのみ使うことをおすすめします。

Genomic Boundary Parameter Settings	
Use the Genomic Boundary function to focus your analysis on particular genomic regi information in the track (bed file) which you can select from the drop down menu. If include, only those genomic regions listed in the track will be analyzed. If you choose those genomic regions not listed in your track will be analyzed.	ions based on you choose e exclude, only
Select Track	
Select Track	
$lace{}$ Include matching values \bigcirc Exclude matching values	

Aberration (いずれかを選択)



Z score

固定されたWindow size (ユーザ定義)領域のAberrationを検出します。

Baselineより有意にLogRatioが離れているプローブがenrichされている領域を検出します。Thresholdが 高いほど、厳しい条件になります。固定したサイズでのAberration検出を行うアルゴリズムのため、あまり 推奨していません。 SNP解析時にはこのアルゴリズムは使用できません。

ADM-1

統計的なスコアリングに基づき、高(低)LogRatio値を持つ領域を検出します。多様なAberrationの検出を 行います。

■ ADM-2 (推奨)

ADM-1の統計的スコアリングに加え、各LogRatio測定のデータquality情報も加味してAberration検出します。LogRatio値に加えて、Probe Log Ratio errorが考慮するため、データがノイジーなprobeを含んでいるときに小さなAberration領域を検出したい場合など、ADM-1よりもさらに結果がrobustになります。

The Aberration Detection Method 2 (AD) analysis, but ADM- 2 incorporates quality addition to the log ratio values makes AD identifying small aberrant regions.	M- 2) algorithm generates a similar statistic information about each log ratio measure M- 2 more robust than ADM- 1 when data	al score to that produced by ADM- 1 ment. Use of the probe log ratio error in has noisy probes and you are interested in
	Aberration Threshold 6.0	
	0.1	50
	Fuzzy Zero	

Aberration Filter

■ Aberration Filter(推奨)

下記の設定を変更してFilter Nameを付けてSaveすることができます。

• Minimum Number of Probes in Region :

1つのAberration領域に含まれるプローブ数。入力値よりも少ないProbeを含むAberration領域は結果から削除されます

- Minimum Size (kb) of Region: 領域の最小長(kb)
- Minimum Absolute Average Log Ratio of Region :

Aberration領域の平均Log2 ratioの絶対値。検出されたAberration 領域の平均Log2Ratio値が入力値よりも低いものが結果から削除されます。

Aberration Filter Parameter Panel					
You can select an exist	ting filter from the drop-down list below, o	r create a new filte	er.		
Edit A	berration Filter				
Name	Default Aberration Filter		•		
		AMP	DEL		
S Min	nimum Number of Probes in Region	3	3		
🗆 Min	nimum Size (Kb) of Region	0.0	0.0		
🖾 Mir	nimum Absolute Average Log Ratio of Region	0.25	0.25		
	Maximum Nesting Level 100				
	Use Nesting in Legacy Mode.				
	<u>N</u> ew <u>S</u> ave S	ave As			
* Each con	ndition must be met before an amplificatio	on or deletion is rep	oorted.		

SNP Algorithm(CGH+SNPマイクロアレイ解析時は選択)

SNP copy number

マイクロアレイデータ上の各SNPについてSNP Copy Numberか計算されますが(ASCNア ルゴリズム)、その数が整数値± "1-Confidence level 値"以内であれば出力するとい う意味です。それ以外のSNPに対しては、出力結果では "N"が表示されます。 Defaultで0。この値はLOH検出結果に影響しません。_____

Detect whole genome triploidy

Triploidyサンプル解析用の設定です。

SNP Copy Number Pa	rameter Settings	
The SNP Copy Number dete for each SNP that is interro	ction algorithm finds the most likely gated on an Agilent CGH+SNP array.	copy number of the "uncut" SNP allele
	SNP CN Confidence Level	0.0
	$\hfill\square$ Detect whole genome triploidy	

■ LOH

LOHアルゴリズムにより、heterozygous SNP call が統計的有意に失われている領域を Copy-neutral genomic 領域として検出します。アルゴリズムはLOHスコアが、定義された Threshold以上となる領域を出力します。Thresholdの開始値は6.0を推奨。Thresholdが 高いほどより条件がstringentになります。

Call LOH across P-Q arm

セントロメアにまたがるP-Q armのLOHを 一つのRegionとしてまとめて出力する設定です。

LOH Parameter Setting	şs	
LOH algorithm identifies geno calls to discover regions of co	mic regions with a statistical opy- neutral LOH and unipare	ly significant scarcity of heterozygous SNP ental disomy (UPD).
	LOH Threshold	6.0
	🗌 Call LOH across P-Q arr	m

LOH Filter

- Minimum Number of Probes in Region 領域に含まれる最小Probe数
- Minimum Size (Kb) of Region 領域の最小長(kilobases)

Maximum Fraction of Heterozygous Probes in Region

0-1.0の値を入力。その値よりも 高い割合のheterozygous probe の存在するLOHは含まない。

LOH Filter Pa	arameter Panel
LOH algorithm ide regions of copy- n	ntifies genomic regions with a statistically significant scarcity of heterozygous SNP calls to discover neutral LOH and uniparental disomy (UPD).
	Edit LOH Filter
	Name
	Minimum Number of Probes in Region
	Minimum Size (Mb) of Region
	Maximum Fraction of Heterogygous Probes in Region
	New Save Save As Reset

Genomic Region Filtering

Genomics Region Filter

解析にフォーカスする領域のTrackを設定する機能です。 すべての領域でAberration Callのステップが終了した後に、 ここで指定した領域内のAberration Callだけが、出力されます。 RegionやTrack、遺伝子名で対象を定義します。

Fitter Aberrations	Filter LOH			
Filter aberrations by Gen	omic regions			
Add genomic region	• 0	0	*For complete chromosome set sta	rt & stop to 0
Add regions from track	Genes_hg19_v2 •			
Add region from genes	Genes •			
		Add	Remove	Remove All
No.	Geno	mic Regions		

複数データの比較・表示

Triage View からアクセスする方法

a) 比較したいサンプルをTriage Viewで表示します →参照;Triage View p.24

b) Secondary Analysisボタンから使いたい機能を選択します。→参照;複数データ表示上の 各種機能 p.56

CytoGe	nomics	+	Add 🛛 🇞 Vie	w 🜓 Copy	Search	Sample	Info Q	C Metrics	Change Call	Change St	atus [Reports	Secondary Analysis
US23502418	_252983010001	_S01_CGH_1010	_Aug10_1_2	× US2350	418_2529830100	11_501_CGH_1010	0_Aug10_1_2	× Hoop Log Bo	ISCN	Su Classi	Tost(Differential Probe Penetrance
chr9	5tart 14 119 279	17 971 724	-22.222.2	PNC2 CNTLN SH	1952 258	туре	#PT0Des	4 725	IJUN perfba191.9a22	- r.1	0/2	Issigication	Interval Penetrance
													Generate genotype reference

Sample Reviewタブから直接アクセスする方法

a) Sample Review > Sample Attribute を選択します

b)データを選択し、Multisampleをクリックします。(同じ解析Methodのデータどうしのみ比較可能です)



C) Multisample画面が表示されます。→ 参照;複数データ表示上の 各種機能 p.56

Differential Probe Penetrance	Interval Penetrance	Copy Go to Setting SN	View In Table			
			Genome View			
				15 16 17 	18 19 20 21	
	Chr 1		Chr 1:	: 0-2, 2.0 bp	۵	ustom Position *
Ch Ch	hromosome View		Gene View	4	Tracks	_
CGH Pane	SNP Pane	d CGH Pan	s SNP Pane	. !	Teachard France	TeachTeachteache
	SNP Pane	CGH Pan	s SNP Pane		TextTrackPromC	TrackTestChr7Ch
CGH Pane	SNP Pane	CGH Pan CGH Pan 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	SNP Pane		TestfackPonC	TrackTestChrTCh
CGH Pane 2 M Probes SHP Probes obe Name ChrName	SNP Pare	CGH Pan CGH Pa	500 T2000, 1, 1 2529 502000, 1, 1		TestTaskPomC	TrackTestChr/Ch
CGH Pane CGH Pane A Probes SNP Probes SNP Probes ChrName 8_P10000158 chr1	Start Stop 58,411 58,470	CGH Pan CGH Pan CH CGH Pan CGH Pan CH CH CH CH CH CH CH CH CH CH CH CH CH	SHP Pane		TextTabl ^P ionC	TrackfeatOurfo
H Probes SNP Probes By 1000057 chr1	Start (Stop) 58,411 (Stop) 120,458 (20,470)	CGH Pan CGH	300 Pare		Sector Sector	TrackTestOnTC
H Probes SHP Probes 8 P10005% chr1 8 P10005% chr1 8 P10005% chr1 8 P10005% chr1 8 P10005% chr1	Start Stop 58,411 58,420 120,558 120,57 253,104 223,53 274,000 573,50 274,000 574,50 274,000 574,50 274,500,500,500,500,500,500,500,500,500,50	CGH Pan CGH Pan 3 3 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5	500 Pane		terfaad ooc	TrackfestDirfC
CGH Pare CGH Pare CGH Pare CH Probes SHP Probes SHP Probes SHP Probes ChrNase (chr1 8,P100075chr1 18,P100075chr1 18,P100075chr1	Start Stop 58,411 58,470 253,58 120,571 253,540 252,55 267,179 267,232	CGH Pan CGH Pan 2 2 3 3 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4 4	300 Pare		tertsofund	TrackTestOhrTC

複数データ表示上の 各種機能



Differential: Differential Aberration機能。2群間で異なるAberrationを検出。 (p-valueでフィルター可能)

①比較するデータを画面に表示させ、選択する。

② Differential をクリック

- ③ 現在選択されているデータが表示されます。 "<" と" >"をクリックすると、表示される染色体 がかわります。
- ④ 比較したいグループを Set 1、Set 2、 Ignore (Set 1にもSet 2にも含めない)に分け Runをクリックします。



- ⑤ Set 1とSet 2で異なるコピー数変化領域が表示されます。
- ⑥ 画面右下のExport Tableをクリックすると、結果をエクセル形式で出力することができます。

intra Arr	hgt9 Replicates: ty: ON	Aberration Algorit Centralization: 0 Aberration Filters Army Level Filter Feature Level Filt Design Level Filt Metric Set Filter:	thm: ADM-2 (Thresh N (Bin Size: 10, Thr I: Default Aberration I: NONE tors: Default Featur Ars: NONE NONE	old: 6.0 ,Fuzzy Zero: 0 eshold: 6.0) h Filter e Filter	44)				Filter P Value	c 0.00	Greate Filter. 📄 Apply I
-logi0(pWalme)	p-val ı	Je	Stort	(cnet)	PValue to	r Gasina 🖷 PVa	due for Losse		Stot2(cbr1)		
T1	5 10	815	5	01 S							
Married Color		5	5	5		Set	1				
In Character Character	The second secon	Ster of	ALCONOMING AND ALCONOMING AND ALCONOMING AND ALCONOMING	ACE HOLE		Set	2				
	e (Start	Stop	Size	No of Probes	Num Gains in Set	1 Num Losses in S	. Hog10(PVal) Gal	Hog10(PVal) Los	Num Gains in Set 2 Num Losse	in SHog10(Pv	al) GalHog10(PVal) Los.
y Nam	143737083	140041013	203931	11	0	1	0.0	0.30102999	0 0	0.0	0.0
te Nam	149433185	149768055	335671	7	0	1	0.0	0.30102999	0 0	0.0	0.0
r Nam 1 1	196744721	196799302	54582	3	1	1	0.03218468	0.30102999	2 0	0.301029	99 0.0
Nam		45169314	479	4	3	0	0.30102999	0.0	2 0	0.032184	68 0.0
1 1 1 2	45168836	48.470.004	552	9	3	0	0.0	0.0	4 0	0.301029	99 0.0
Man	45168836 45171843	40176394	222400	4	3	0	1.14612803	0.0	0 0	0.0	0.0
Man	45168836 45171843 89185302	89258800	/ 3179		11	0	0.30102999	0.0	0 0	0.0	0.0
r Nam 1 1 2 2 2	45168836 45171843 89185302 89258800	89258800 89301155	42356	1	-				u 2		
r Nam 1 1 2 2 2 2	45168836 45171843 89185302 89258900 89201155	45172394 89258800 89301155 89301214	42356	1	1	0	0.30102999	0.0	6 6	0.0	0.66900678
r Nam 1 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2	45168836 45171843 89185302 89258800 89301155 89301155 89301214	93172399 89258800 89301155 89301214 91794601 94921067	42356 60 2493388 896067	1 20 26	1	0	0.0	0.0	0 2	0.0	0.66900678
rt Nam r1 r1 r2 r2 r2 r2 r2 r2 r2 r2 r2 r2 r2 r2 r2	45168836 45171843 89185302 89258800 89301195 89301214 96024197 131204456	93172399 89258800 89301155 89301214 91794601 96921063 131290724	42356 60 2493388 896867 439	1 20 25	1 0 0	0 0 1 0	0.0	0.0 0.30102999	0 2 0 0	0.0	0.66900678
1 Nam 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2	45168836 45171843 89185302 89258800 89301155 89301214 96024197 131280244 131355044	93172399 89258800 89301155 89301214 91794601 96921063 131280874 131355462	42356 60 2493388 896867 439 439	1 20 25 3	1 0 0 1	0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	0.30102999 0.0 0.30102999 0.30102999	0.0 0.30102999 0.0 0.0	0 2 0 0 0 0	0.0	0.66900678 0.66900678 0.0

⑦ p-valueでフィルタをかけたいときは、Create Filterをクリックします。

Four		
Genome: hg19 Combine Replicates: Infra Array: ON	Aberration Algorithm: ADM-2 (Threshold: 8.0. Fuzzy Zaro: 0FF) Certralization (legacy); 0FF 0C Correction: ON (Mindow Size: 2Rc) Diploid heak Centralization: ON Aberration Filter: Obdati Aberration Filter Array Level Filter: Indust Aberration Filter Frature: Level Filter: Charts Fischers Filter v2	Filter 👍 og Djøvall > 3 🔹 Greate Filter 🗆 Apply Filter

⑧ Newをクリックし、Filterの名前を入力。

Name P Value < 0.001			Ŧ	
Attribute	Operator	Value	Logical Op	New Condition
-log10(PVal) Gain in 🔹	< •	0.001 •	OR	
-log10(PVal) Loss in 🔹		0.001 •	OR	Delete Condition
	ic	0 001 -		
Include matching value:	s O <u>E</u> xclude	matching valu	ies	

- ⑨ 条件を入力し、Updateをクリックします。 Closeボタンをクリックします。
- ⑩ Differential Aberration画面でFilter名を選択肢、Apply Filter をクリックします。

Filter test	<u>Create Filter</u> 🗹 Apply Filter

群の中でコピー数変化領域のPenetrance を算出(Probeベースで)

Probe Penetrance:各プローブ位置でAberrationが、今選択されているマイクロアレイデータの何%で生じているかを表示します。

①Penetranceを計算するデータを画面に表示させ、選択する。

② Probe Penetrance をクリック



群の中でコピー数変化領域のPenetrance を算出(領域ベースで)

Interval Penetrance:検出された Aberration領域が、今選択されているマイクロアレイデータの何%で生じているかを表示します。



複数のデータからReference Genotype Fileを作成

SNP:選択されたCGH+SNPデータのTest サンプルの結果から、Reference Genome File を作成します。

① Triage View もしくは Multisample機能でReference Genotype File を作成するもととなる CGH+SNPマイクロアレイデータを選択し、画面に表示させます。

 ② Triage Viewでは、Secondary AnalysisからGenerate genotype referenceを選択 Multisample機能ではSNP機能をクリックします。

Triage View Multis	sample View
↓↓ Change Call Change Status ↓↓ Reports ₩ Secondary Analysis Differential Differential Probe Penetrance Interval Penetrance Secondary Analysis Offerential	ple Probe Penetrance Penetr
 ③ 選ばれているデータのTest サンプル名 が表示されます。 Reference Genotype Fileを作成したい サンプルを選択します。 ☆このサンプル名は Attribute 情報に基づきます。 ④ Confidence Threshold を入力します。 Confidence Levelを設定します ・Confidence threshold マイクロアレイデータ上の各SNPについて が(ASCNアルゴリズム)、そのCopy num Threshold)であればConfident、整数値 内でなければTentativeとなる。Confiden 大きいほどstringencyが高くなります) 	★ Generating Genotype Reference File • Generating Genotype reference file will be generated per-design. • Construction of the created for each undre sample value. • SNP Copy Number results need to be calculated for the selected workflow run(s). Select samples to export • Copy 20100921 • Test • Test • Confidence Threshold: 0.95 • Level: Majority • Select folder location to save generated file(s) • Browse • Ok Cancel • SNP Copy Numberか計算されます • SNP Copy Numberか計算されます • Confidence Threshold は0.95推奨 (この値が)
・Level Strong:すべてのデータでConfidentとして データで同じSNP copy numberを示すも Weak: すべてのデータで同じSNP copy	C検出されているSNP、かつすべての の。 numberを示すSNP
(Confidence/Tentativeどちらでもかまわ) Majority: 少なくともひとつのデータでCol SNP copy numberを示すSNP。しかし異 すべてTentativeである。	ない) nfidentとして検出されていて、異なる なるSNP copy numberを示すものは
Contradictory : データ間で異なるSNP c らはいずれもTentativeであるSNP	opy numberが示されているが、それ

⑤Browseをクリックし、Genotype reference fileの保存場所を設定

⑥OKをクリック

新しいユーザを加える方法

1. Admin をクリック

						Auto-P	rocessing Started
Cyto Geno	Mics Analysis Workflow	Sample Review	Configure Settings	Supporting Files	2 Admin	X	O Hel
Database settings	and manage user account	s				-	
atabase Settings							
Server Versi	on 2.7.1.0						
ommon Storage Locati	on						
Database Ho	ost						
Database Po	ort						
Chi	ange Apply Cancel	Database Backup	Database Restore	1			
Manage User Account	13						
Manage User Account urrent Logged-in User: GILENT\yukaneda	8					Add New User	onnected Users
Manage User Account arrent Logged-in User: GILENT\yukaneda No.	ts User			Roles		Add New User	onnected Users

- 2. Add New User をクリックします。
- Add New Userの項目に名前 (もしくはその一部)を入力し、検索します。
- 4. リストの中から加えるユーザをクリックし、 Add Userをクリックします。

No. User Name Login Name Email ID 1 ANDY CANNEN acannen cannen@aglant.com 2 DAVE CLODE closed dare_close@aglant.com 3 DEEPAK KIMAR kumar keine@aglant.com 4 FEEDINAD DURANTE ferdura ferd_urantebagient.com 5 HANA SORMEN sormen huna_sormen@aglant.com 6 HELEN NOBLE hnoble hnoble@aglant.com 7 LINDA DERAM Ideran deran@nons.aglant.com 8 MANEY LENG mandyl dera@glant.com 9 ETHAN DOCS extern deck@glant.com	Add New 1	ier	Eind	
ANDY CANNEN acannen cannen@aglent.com 2 DAVE CLODSE clossed dwe_closse@aglent.com 3 DEEPAK KUMAR kumar kumar@aglent.com 4 FERENAND DURANTE ferdum ferdum.com 5 HANA SORMEN sormen huna_sormen@aglent.com 6 HELEN NOBLE hnoble hnoble@aglent.com 7 LINDA CERAN Ideran deran@non.aglent.com 8 MANEY LENG mandyl mandyl&gjent.com	No.	User Name	Login Name	Email ID
2 DAVE CLOOSE cloosed daw_cloose@apilent.com 3 DEEPAK KUMAR kumar kumar@apilent.com 4 FEEXINAND DURANTE ferd.urant@apilent.com 5 HANA SORMEN Sormen hana_sorme@apilent.com 6 HELEN NOBLE hnoble hnoble@apilent.com 7 LINDA DERAN Ideran deran@on.apilent.com 8 MANDY LENS mandy@apilent.com 9 ETHAN DOXS excert dcks@apilent.com	1	ANDY CANNEN	acannen	cannen@agilent.com
DEEPAK KUMAR kumar kumar@aglent.com 4 FERDINAND DURANTE ferduran ferd_durante@aglent.com 5 MANA SORVEN sormen hana_sorme@aglent.com 6 HELDN NOBLE hnoble hnoble@aglent.com 7 LINDA DERAN Ideran deran@non.aglent.com 8 MANDY LENG mandy@aglent.com dack@aglent.com 9 ETHAN DOCK exect dack@aglent.com	2	DAVE CLOOSE	cloosed	dave_cloose@agilent.com
4 FEEDNAND DURANTE ferd_durante@agilent.com 5 HAMA SORMEN sormen hama_sormen@agilent.com 6 HELEN HOBLE hnoble hnoble@agilent.com 7 LINDA DERAM Ideran deran@on.agilent.com 8 AMARY LENG mandyl@agilent.com decka@gilent.com 9 ETHAN DOCK excert decka@gilent.com	3	DEEPAK KUMAR	kumar	kumar@agilent.com
5 HANA SORMEN sormen hean_sormen@aglent.com 6 HELIN NOBLE hnoble hnoble@aglent.com 7 LINDA DERAM Ideran deran@non.aglent.com 8 ANAIOY LEGS mandyl mandyl@aglent.com 9 ETIANN DOCK excel decks@glent.com	4	FERDINAND DURANTE	ferdura	ferd_durante@agilent.com
6 HELEN NOBLE hnoble hnoble@aglent.com 7 LINDA DERAN Ideran deran@non.aglent.com 8 MANEY/LENG mandyl mandyl@aglent.com 9 ETHAN DOCKS emoch docks@aglent.com	5	HANA SORMEN	sormen	hana_sormen@agilent.com
7 LINDA DERAN Ideran deran@non.agilent.com 8 MANDY LENG mandyl mandyl@agilent.com 9 ETHAN DOCKS emoch docks@agilent.com	6	HELEN NOBLE	hnoble	hnoble@agilent.com
8 MANDY LENG mandyl mandyl@agilent.com 9 ETHAN DOCKS edoch docks@agilent.com	7	LINDA DERAN	lderan	deran@non.agilent.com
9 ETHAN DOCKS edock docks@agilent.com	8	MANDY LENG	mandyl	mandyl@agilent.com
	9	E THAN DOCKS	edock	docks@agilent.com

5. ユーザ名の右のActionsのEditをクリックし、Roleを設定します。

Datal	Edit User Roles			
Databa	User CNU23499D9 \ test			
	Enabled 🖾			
Commor	Roles	chnician		
Manage				
Current AGILENT		<u>Save</u> <u>Close</u>	Add New	v User <u>C</u> onnected Users
No.	User	Roles	Status	Actions
1	AGILENT \ yukaneda	Administrator	Enabled	Edit
2	CNU23499D9 \ test	Technician	Enabled	Edit

※ドメインPC でない場合は

- ① Add New User をクリック
- ② Add New Userの項目に追加するユーザの machine_name¥user_name を入力
- ③ Add user をクリック (Findをクリックしないでください)

データのバックアップ・修復 (restore) 方法

CytoGenomicsには Server フォルダの内容をバックアップする機能があります。(ServerがインストールされたPCでのみこの機能を使用可能です)

【本バックアップ機能でバックアップされるもの】

- ・Signed off で出力された CytoReport・Excelファイル
- ・Sample Reviewに表示される解析データ
- •QC report
- ・新しく作成した analysis methods report templates
- ・custom および dynamic tracks
- classification
- ・新しく変更した各種設定 など

【本バックアップ機能でバックアップされないもの】 Client Folder に含まれるもの全て

・FE txt データ

・最初の解析時に出力されたエクセルファイル など

注意

- この機能ではClientフォルダの内容はバックアップしませんので、Sign Off 前の最初の解析時に出力されたエクセルファイル(p.13)や、tifから解析したときに出力された数値化テキストデータなどが必要な際はClientフォルダ内のデータも定期的に手作業にて別途バックアップされることをお勧めいたします。
- バックアップデータをRestoreする際、RestoreするソフトウェアとBackupしたソフトウェアのCytoGenomics Serverのバージョンが同じであることが必要です。万が一の場合に備え、Backupに使用したソフトウェアのインストーラを保存しておくこともお勧めいたします。
- データをrestoreすると、restoreする前のServerデータを上書きしますのでご注意ください。(Clientフォ ルダ内は上書きされません)
- Backupに用いたCytoGenomicsとは別にインストールされたCytoGenomicsでRestoreされたデータは StatusをUnlock (p.19)できませんので、必要に応じて再解析(p.12)を実施してください。
- 1. Admin をクリック

<mark>Cyto</mark> Genomi	CS Analysis Workflow	Sample Review	Configure Settings	Supporting Files	Admin		Auto-Pro	Cessing Started
Database settings and	manage user account	ts						
Jatabase Settings Server Version 2 Common Storage Location Database Host Database Port	7.1.0							
Change	Apply Cancel	Database Backup	atabase Restore	1				
flanage User Accounts urrent Logged-In User: GILENT\yukaneda						2 Add	New User	Connected Users
No.	User			Roles		Status		Actions
1 A	GILENT \ yukaneda		4	dministrator		Enabled		Edit

Database Backup

1. Database Backup をクリック

2. Database backupダイアログボックスが表示。



- 3. Select backup folder location の横の空欄に、データベースのデータのコピーを保存した い先を入力します。もしくはその右横のBrowseをクリックし、保存先を選択します。
- 4. Backupをクリックします。
- 5. メッセージボックスが表示されます。Yesをクリックします。
- 6. Backupが終了すると、ソフトウェアを再起動するようメッセージが表示されます。Yesをクリックしてください。CytoGenomicsが終了します。

Database Restore

1. Database Restore をクリック

Cyto Genomics	Analysis Workflow	Sample Review	Configure Settings	Supporting Files	Admin	Auto-Processing Started
Database settings and man	age user account	s				
Database Settings Server Version 2.7.1.0 Common Storage Location Database Host Database Port Change	pply Cancel	Database Backup	Database Restore			
Manage User Accounts Current Logged-in User:					2 Ad	d New User Connected Users

2. Database restore ダイアログボックスが表示。



- Select restore folder location の横の空欄に、以前データベースのデータのコピーを保存 した先を入力します。もしくはその右横のBrowseをクリックし、データをリストアする先を 選択します。
- 4. Restore をクリックします。
- 5. メッセージボックスが表示されます。Yesをクリックします。
- 6. Restore が終了すると、ソフトウェアを再起動するようメッセージが表示されます。Yesをクリックしてください。CytoGenomicsが終了します。

データの容量例

例: CytoGenomics 3.0.5.1 Windows 64 bit用インストーラ使用 SurePrint G3 Human CGH マイクロアレイ 2x400K tif 画像 5 slide データを解析

Sonver Foldert	📔 Client
のデータは	퉬 jre
いフトの動作	퉬 QCChartTool
に関わり得るため	🌗 Server
絶対に削除しない	Uninstall_Agilent CytoGenomics
でください。	Agilent_CytoGenomics_Install_

	インストール 直後	Design File (028081) インポート	Tif 画像解析	Ť	全テータで Sign Offにより CytoReport出力
Client	289 MB	289 MB	1.96 GB	1	1.97 GB
Server 🔸	415 MB	455 MB	908 MB		919 MB
jre	139 MB	139 MB	139 MB		139 MB
QCChartTool	29.6 MB	29.6 MB	29.6 MB		29.6 MB
Uninstall_ Agilent CytoGenomics	10.5 Mb	10.5 Mb	10.5 Mb		10.5 Mb

Client Folder内、Workflow Outputフォルダにある各データの容量(1解析データあたり)							
			平均データ量				
FE common extracts フォルダ	各tif に1つ出力		89.8 MB 数値化データ				
Samplesフォルダ	FE Fileフォルダ	数値化テキストデータ	123 MB 出力されない				
		QC report	64 KB				
	Job Summary Log フォルダ		16 KB				
	Reportsフォルダ	ABERRATION_&_LOH _INTERVAL	6.5 KB				
		CGH&SNP Fit	208 KB				
		IntervalBasedReport	8.1 KB				
		LOH_INTERVAL	2.9 КВ				
		QC Metrics Report	3 KB				
		SNP_GENOTYPE	7.0 MB				
			合計: 220 MB(数値化データ 解析時を想定すると 7.2 MB)				
Workflow Outputフォルダの場所を自由に設定することが可能(p.13参照)							