# HaloPlex HS / HaloPlex / HaloPlex アドバンスドオプションによるカスタムデザイン作成ガイド

# SureDesign version 3.5 (日本語版)

# 2015/12/22

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

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

アドバンスドオプションを使用しない場合の資料「HaloPlex HS / HaloPlex / HaloPlex カスタムデザイン操作法」 も合わせてご参照下さい。

SureDesign

HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでのデザイン作成

1

HaloPlex HS / HaloPlex カスタムデザイン アドバンスドオプションでの作成

この資料では、アドバンスドオプションを用いたHaloPlex HS / HaloPlex カスタムデザイン作成の手順をご紹介します。アドバンスドオプションでは、 よりフレキシブルな条件設定が可能で、異なる条件で設計した複数の プローブグループを組み合わせて、一つのデザインを作成することができます。





## HaloPlex HS / HaloPlex カスタムデザイン アドバンスドオプション 作業のフロー

カスタムデザイン作業のフローは以下二つから選択できます。 本資料では【最初にデザイン作成をするフロー】の操作を説明します。



・まず独立してプローブグループを作成し、後で上記「デザイン作成」の流れに沿って デザインに含めるプローブグループを選択し、デザインを決定するフロー



## HaloPlex HS / HaloPlex カスタムデザイン アドバンスドオプション コンテンツ追加メソッド

アドバンスドオプションでは、2 つのコンテンツ追加メソッドを利用可能です。それぞれのメ ソッドで作成したプローブグループを組み合わせ、1 つのデザインにすることもできます。



## HaloPlex HS / HaloPlex カスタムデザイン HaloPlex HS について

SureDesign

- HaloPlex HS は、従来の HaloPlex をベースに、DNA ライブラリに分子バーコードを 導入することでPCR の Duplication を効果的に排除し、従来の NGS で用いられてき た手法と比較して、低頻度の変異を高い信頼性で検出することを目的とした製品です。 HaloPlex HS と従来の HaloPlex ではプローブの構造や実験プロトコル等が異なり、 互換性がありません。必ずカスタムデザイン作成前に、どちらを使用する予定か確認 してからデザイン作成を開始して下さい。
- HaloPlex HS は、より最適な結果を得るために、SureDesignのAdvanced Optionを 用いて"FFPEサンプルに最適化"オプションを利用することをお勧めしています。 HaloPlex HS デザインを作成される場合、単一のプローブグループから成るデザインで あっても、Advanced Optionを使用して下さい。
- デザインのレポートに表示される"Recommended Minimum Sequencing per Sample" とは、ターゲット領域の90%をx20以上で読むことを目標として計算されています。 Deep Sequencing を実施する場合など、目標のDepth がより高い場合、それに応じて Sequencing 量も増やして下さい。

# Step1 サインイン

SureDesign のアカウントをお持ちでない方は、別途登録方法の資料をご参考ください。

Agilent Technologies Genomics		
SureDesign		
Expl catalog and	Ore custom designs	×- <i>ルアドレス)</i> <u>パスワードを忘れた場</u> 登録 Japanese マ





続行

7

# Step2 デザインの作成

- 1. 【アドバンスドオプションの表示】のチェックをクリックして下さい。
- 2. デザイン作成 > HaloPlex を選択して下さい。

SureDesign	ブインの 索 デザインの	
デザインの作成 HaloPlex	SureSelect DNA	ションの表示
	HaloPlex	

- 1. ウィザードを選択します
- ウィザードの選択では 【アドバンスド】を選択して ください。
- デザインまたはプローブグ ループの選択では【デザイン 作成】を選択してください。
- 4. 【続行】ボタンを押して ください。

○ スタンダード

スタンダード ウィザードでは、決められた手順に従ってデザインを作成できます。ターゲット領域を定義し

⑦ アドバンスド

アドバンスド ウィザードでは、複数のプローブグループから構成されるデザインを作成できます。定義した

2. デザインまたはブローブグループを選択します

### ◉ デザイン作成

デザインとは、SureSelect DNA または HaloPlex プロトコルで使用する単一のライブラリとして製造され

○ プローブグループ作成

プローブグループは、同じプローブ選択ジョブの一部として選択されたプローブのセットです。プローブグ









Step1 Step2

### デザインの作成



9

# Step3 プローブ選択

ここから、選択したコンテンツ追加メソッドによって、操作が異なります。 本資料では以下の順番で操作を説明します。

## メソッド1 標準の手順では適用できない、FFPE オプションの適用やプローブの特異性の 基準の変更を行ってデザインを作成する



## メソッド2 既存のデザインに含まれているプローブから、全ての、もしくは条件に沿った プローブを抽出して新しいデザインを作成する

p. 20をご覧下さい。





メソッド1 標準の手順では適用できない、FFPE オプションの適用やプローブの特異性のの変更を行ってデザインを作成する

- 1. コンテンツの追加では【遺伝子またはターゲット領域から新規プローブをデザインします】を選択してください。
- 2. 【次へ】ボタンを押してください。

HaloPlex(アドバンスド) コンテンツの追加/確認









### プローブ選択: メソッド1

<ul> <li>ターゲット:</li> <li># 遺伝子 ID、遺伝子記号、またはアクセッションを入力してください。</li> <li># SureDesign は、以下のパラメータを使用してこれらの ID を</li> <li># ゲノム上の場所にマップし、参照ゲノムからそれらの場所と</li> <li># 合致するプローブを選択します。</li> <li>SMAD4</li> <li>NM_005359</li> <li>ENST00000342988</li> <li>CCDS11950</li> <li>4089</li> </ul>	3.       ターゲットとする遺伝子または領域を 指定します。コピー&ペーストで画面 に直接入力するか、ターゲットを リストしたテキストファイルを アップロードするかを選択できます。
# UCSC ブラウザまたは BED 位置情報を入力してください chr18:48573407-48573675 chr18 48573406 48573675 # ID のある位置情報を入力してください chr18:48575655-48575704 MyGene1 chr18 48577713 48577795 MyGene2 # exon 1 chr1848578994 48579032 MyGene2 # exon 2	画面に直接入力できる検索項目は 500個以下です。500個を超える場合、 ターゲットをリストしたテキストファイルを アップロードする必要があります。アップ ロードするファイルの形式は後述します。
<ul> <li>データベース &lt; キャプティしたい領域</li> <li>② ローディングエクゾン</li> <li>③ コーディングエクゾン</li> <li>③ コーディングエクゾン+UTR </li> <li>③ 全転写領域</li> <li>③ 5 UTR ☑ 3 UTR</li> <li>◎ 全転写領域</li> <li>③ 5 UTR ☑ 3 UTR</li> <li>○ 塗転写領域</li> <li>③ 5 UTR ☑ 3 UTR</li> <li>○ 塗転写領域</li> <li>○ 塗転写領域</li> <li>○ S UTR ☑ 3 UTR</li> <li>○ 塗転写領域</li> <li>○ 塗転写領域</li> <li>○ ジェロマ 3 UTR</li> <li>○ 塗転写領域</li> <li>○ ジェロマ 3 UTR</li> <li>○ ジェ</li></ul>	<ul> <li>クリア</li> <li>4. 参照データベースを選択します。</li> <li>5. どの領域をターゲットとするのかを選択します。</li> <li>6. その領域の両側をどれだけ拡張してキャプチャするかを選択します。</li> <li>7. 【次へ】をクリックします。</li> </ul>

Ж 「HaloPlex HS / HaloPlex カスタムデザイン操作法」をご覧下さい

# **SureDesign**

HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでのデザイン作成 12

プローブ選択: メソッド1

Step3 Step4 Step5

Step1

**SureDesign** 



Not Foundになっているターゲットの 有無を【ターゲットサマリ】で確認し、 具体的にどのTarget IDがNot Found であるかをDetailsの画面で確認して ください。Not Foundになっている ターゲットについては、他の名前に 変更する必要があります。【戻る】で 元の画面に戻り、UCSCのBrowserで サーチできるGeneSymbolもしくは Accession IDにターゲット名を 変更して再度デザインしてください。

8.

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step6

プローブ選択: メソッド1

10. プローブグループ名を確認し、必要であれば編集します。

11. 【選択パラメータ】の項目を必要に応じて変更します。各項目の詳細は次ページ以降をご覧下さい。

* ブローブグループ名: OncoGene1_Adv_FFPEOn_1	
■ 選択パラメータ 【厳密性】 パラメータでは、【最大パフォーマンス】 オプションをお勧めします。 最大化】)に変更するとデザインカバレッジは大きくなりますが、特にターゲット ターゲット外のゲノム領域のキャプチャが大幅に増大するおそれがあります。 す必要が生じます。詳細については、ヘルプページを参照してください。	これを厳密性の低いいずれかのオプション([平衡] または [容量の ト領域に UTR、イントロン、その他の非コード領域が含まれる場合、 。その結果、目標のリード深度を達成するためにシーケンスを増や
厳密性: Balanced ▼ FFPE サンブルに最適化:	Maximize Specificity  Maximize Specificity
	Maximize Coverage



- Step1 💙 Step2 💙 Step3 💙 Step4 💙 Step5 💙 Ste

プローブ選択: メソッド1

## 補足1;厳密性

"厳密性"は、デザインに含まれるプローブが、ゲノム中に何箇所までの 「Off-target Match」を持つことを許すかについて規定する、プローブのユニークさに関する 項目です。



### ※注意

ユニークでないプローブは、ターゲット以外のゲノム領域をキャプチャする可能性が高く、 ターゲット外の領域を読んだSequencing read が増えるため、厳密性を低くしたデザインでは その分Sequencing 量を増やしてターゲットのカバレッジを保つことが必要となります。



プローブ選択: メソッド1

🔪 Step3 💙 Step4

## 補足1;厳密性

### Maximize Specificity:

最も厳しい基準です。各アームがゲノムの1箇所にしか Hit しないユニークなプローブのみ を選択します。UTR、Intron、その他の non-coding RNAをターゲットとしている場合、これを 選択することをお勧めします。2015年12月の時点では、HaloPlex HS のスタンダートデザイ ンではMaximize Specificity がデフォルトになっています。

### Balanced:

Step1

SureDesignは最初にユニークなプローブだけを選択し、プローブでカバーできないターゲットには、 各アーム2箇所までであれば、ゲノムの複数個所にHit するプローブも選択します。2箇所のうち 1箇所は、ターゲットではないゲノム領域にHitするため、Read の特異性が下がり、ターゲット外の Read が増える可能性があります。

偽遺伝子が存在してMaximize Specificityではプローブが選択できない場合に採用します。 HaloPlexのスタンダードデザインでは、Balancedがデフォルトになっています。

### Maximize Coverage:

最も緩い基準です。SureDesign は最初にユニークなプローブだけを選択し、プローブでカバーで きないターゲットには、各アームが5箇所までであればゲノムの複数個所にHit するプローブも 選択します。

偽遺伝子をキャプチャしたい場合や、Readの特異性が低くなっても(=ターゲット外のreadが 増えても)構わない実験系の場合にしかお勧めしません。

## SureDesign





Target



Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step6

## 補足2;FFPEオプション

"FFPEサンプルに最適化"にチェックを入れると、FFPEサンプル由来のDNAでもカバレッジを最大限に得るために、次ページの二つの基準で、プローブを追加します。

FFPE サンブルに最適化: 🗸

<u>※注意1</u>

FFPEオプションを適用すると、適用しない場合と比べて、同じターゲット領域でもプローブの数が大幅に増えるため、価格帯が上がる場合があります。



### 

HaloPlex HS のライブラリを作成する場合、キャプチャされるDNA分子の多様性を上げるため に、"FFPEサンプルに最適化"にチェックを入れることをお勧めします。ただし、この適用に よって価格帯が上がってしまう場合、適用せずに実験をすることも可能です。

## SureDesign

プローブ選択: メソッド1

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step6

## 補足2;FFPEオプション

短いアンプリコンを作るプローブを追加

## 標準のカスタムデザイン

標準のカスタムデザインでは、 100 bp以上の長いアンプリコ ンで十分なカバレッジが 得られる場合50-100 bp の短いアンプリコンを作る プローブはデザインに含み ません。



## gDNAの両鎖をキャプチャするプローブを追加

標準のカスタムデザインでは、イルミナ対応のデザ インの場合、ゲノムDNAのどちらかのStrandしか キャプチャしませんが、よりカバレッジを上げるため、 またFFPE処理による片側StrandのArtifactを除くた め、FFPEオプションでは同じ領域のゲノムDNAを両 鎖ともキャプチャするプローブが含まれます。 lon PGM 対応デザインの場合、FFPEオプションの 有無にかかわらず、両鎖をキャプチャするプローブ が含まれます。

## FFPE オプションを適用したデザイン

FFPEオプションを適用する と、より長いアンプリコン がある領域であっても、 50-100 bpの短いアンプリ コンも含まれるようになり ます。





## SureDesign

Step1 > Step2 > Step3 > Step4 > Step5 > Step6

プローブ選択: メソッド1

12. 【プローブ選択の開始】をクリックします。



Ť	選択バラメータ		
	選択パラメータ 通知 SureDesign によるプローブ選択が開始されます。 プローブ選択ジョブは、[ホーム] ページの [デザイン: 進行中] セクション からモニタできます。 完了後、 にメールが送信されます。 追加のメールアドレス: 複数のメールアドレスはセミコロン(;) で区切ってくたさい	<i>す。これを</i> Stri <sup>3</sup> は大きくなり: キャプチャが, す。詳細につ	プローブデザインにはある程度の時間がか かります。プローブデザインが完了すると、 SureDesign に登録されているメールアドレス に、メールで完了のお知らせがきます。別の メールアドレスにお知らせがほしい場合には ここでメールアドレスを入力します。
	ОК		

以降の作業は p.32 Step4 コンテンツの追加/確認 をご覧下さい。



HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでのデザイン作成 19

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step6

プローブ選択: メソッド2

メソッド2 既存のデザインに含まれているプローブから、全ての、もしくは条件に沿った プローブを抽出して新しいデザインを作成する

このメソッドでは、アジレントがデザインした「デザイン済み疾患リサーチパネル」や、既に作成 済みのカスタムデザイン、また既存のプローブグループからそこに含まれる全てのプローブ、も しくは条件に沿った一部のプローブを抽出して新しいプローブグループを作成し、単独で、もしく は別のプローブグループとともに、新しいカスタムデザインに含めることが出来ます。

※ご注意下さい1

"元となるデザインやプローブグループ"に存在しないプローブは抽出することが出来ません。予め、元となる デザインやプローブグループのコンテンツを確認し、以降の操作を行ってください。

### ※ご注意下さい2

既存のデザインからプローブを選択、抽出する場合、 必ずそのデザインのリード長を確認し、同じリード長を選択して下さい。 リード長の異なるプローブグループを1つのデザインに混在させることは 出来ません。

Illumina プラットフォームのみの対応です。

### ※ご注意下さい3

どの「既存のデザイン」からを選んだかの情報はDesign に自動的に残りませんので記録いただくか、あらかじめp7 の【詳細情報】【キーワード】の項目に入力ください。

* デザイン名:		
*生物種:	H. sapiens	
ビルド:	H. sapiens, hg19, GRCh37, Februa	ry 2009
作成先フォルダ:	Agilent	選択
ブラットフォーム:	Illumina 👻	
*リード長:	150 👻	
言羊糸田言兑8月:	100	
	150	
	250	
キーワード:		



1. コンテンツの追加では【既存のデザインまたはプローブグループからプローブを選択】を選択し、プルダウンか ら適切なメニューを選択して下さい。



### <u>すべてのプローブを選択:</u>

あるカスタムデザインやプローブグループに含まれる、全てのプローブを利用したい場合に 選択します。

### 特定の遺伝子または領域用のプローブを選択:

あるデザインに含まれるプローブから、条件に合うものを抽出したい場合に選択します。

### <u>アンプリコン IDでプローブを選択</u>:

あるデザインに含まれるプローブから、アンプリコンIDで特定のプローブを抽出したい場合に 選択します。

2. 【次へ】ボタンを押してください。

SureDesign





00100-13 リックします。

SureDesign

00100-1358263563 HaloPlex Arrhythmia ILM

Η.

H. sapiens

15-Jan-2013

Agilent T

Agilent T

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step6

 【コンテンツ追加メソッドの選択】のステップで【すべてのプローブを選択】を選択した場合、前ページで選択した、 元となるデザインまたはプローブグループに含まれる全てのプローブが、作成しているカスタムデザインに追加されます。

【特定の遺伝子または領域用のプローブを選択】を選択した場合、もとのデザインに含まれるターゲットの数に より、異なる画面が表示されます。

デザイン済み疾患リサーチパネルのうち、ターゲット数が500以下のもの

→ デザインに含まれる領域、遺伝子のリストが表示されるので、不要なものを削除して次に進みます。
 22 ページをご参照ください。

デザイン済み疾患リサーチパネルのうち、ターゲット数が500を超える、X染色体パネル

→ ターゲット数が500を超えるため下記のエラーメッセージが表示されるので、閉じます。 ターゲットを入力する画面になるので、遺伝子のリストを入力またはアップロードします。 23ページをご参照ください。



HaloPlex HS / HaloPlex Exome を選択した場合 →ターゲット入力画面になります。遺伝子のリストを入力またはアップロードします。 25ページをご参照ください。



🛛 Step1 💙 Step2 💙 Step3 💙 Step4 🏷 Step5 💙 Step6

**SureDesign** 

### 特定の遺伝子または領域用のブローブを選択

### アジレントがデザインしたデザイン済み疾患リサーチパネルからプローブを抽出する場合 (X染色体パネル以外の、ターゲット数500未満のデザインから抽出する場合)

● デ!	ゴイン () ブローブ	グループ		【プローブソースの選択】画面で目的のデザインを選 択」 【次へ】をクリック」ます
・ワー・ スペーフ イーー・	ク ス: アジレントカタロ ノーフ	1グ	* フォル ダ:	Agilen         次の【特定の遺伝子または領域用のプローブを選択】           画面では、予め、このデザインに含まれるターゲット
選択	デザイン ID	名前	生物種	作の情報がリストされています。
✓	00100-1361547029	HaloPlex Cancer Resear	H. sapiens	28
	00100-1357814080	HaloPlex Exome	H. sapiens	*ターゲット:
	00100-1358243073	HaloPlex Noonan Syndr	H. sapiens	# 遺伝子 ID、遺伝→記号、またはアクセッションを入力してください。 アップロート
	00100-1358243605	HaloPlex Connective Ti	H. sapiens	# SureDesign は、以下のパラメータを使用してこれらのターゲット 目
	00100-1358242663	HaloPlex Cardiomyopat	H. sapiens	#をゲノム上の場所にマップし、定義されたプローブソースから 例
	00100-1358242818	HaloPlex Chromosome->	H. sapiens	
	00100-1358263628	HaloPlex ICCG ILM	H. sapiens	#リストロは、フローブソースのデザイン時に使用した ID が
	00100-1358263563	HaloPlex Arrhythmia ILA	H. sapiens	#あらかじめょうたされます。 SMAD4
		キャンセル 戻る	次へ	RET MAP2K2
ご注意「 D「 <mark>既存</mark> 浅りませ	Fさい <mark>のデザイン</mark> 」からを たので記録いたた	E選んだかの情報はDes どくか、あらかじめp7 の イビュい	ignに自動的 【詳細情報】	PIK3R1 PIK3R1 WT1 - クリア

ハターゲットがある場合、リストから削除して【次へ】をクリックします。

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step

### プローブ選択: メソッド2

### 特定の遺伝子または領域用のブローブを選択

### X染色体パネルからプローブを抽出する場合

- ◉ デザイン プローブグループ
- \* ワークスペース: アジレントカタログ 🛛 🔻

#### ブローブソース

選択	デザイン ID	名前	生物種
	00100-1360266744	ClearSeq AML Panel ILM	H. sap
	00100-1361547029	HaloPlex Cancer Research	H. sap
	00100-1357814080	HaloPlex Exome	H. sap
	00100-1358243073	HaloPlex Noonan Syndrom	H. sap
	00100-1358243605	HaloPlex Connective Tissu	H. sap
	00100-1358242663	HaloPlex Cardiomyopathy	H. sap
✓	00100-1358242818	HaloPlex Chromosome-X II	H. sap
	00100-1358263628	HaloPlex ICCG ILM	H. sap
	00100-1358263563	HaloPlex Arrhythmia ILM	H. sap

キャンセル 戻る 次へ

#### ※ご注意下さい

どの「既存のデザイン」からを選んだかの情報はDesignに自動的 に残りませんので記録いただくか、あらかじめp7の【詳細情報】 【キーワード】の項目に入力ください。

# SureDesign



【プローブソースの選択】画面で目的のデザインを選択し、【次へ】をクリックします。 次の【特定の遺伝子または領域用のプローブを選択】 では、X染色体パネルのターゲットが500を超えるため ターゲットは表示されません。 選択したいターゲットを入力するか、500以上の場合

\*ターゲット:

はアップロードします。



HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでのデザイン作成 25

### プローブ選択: メソッド2

### 特定の遺伝子または領域用のブローブを選択

### X染色体パネルからプローブを抽出する場合

ブローブグループ名 20150106\_chrX

ターゲットサマリ

- 3 個のターゲット ID に対して3 個のターゲット(81 領域)が見つかりました。
- 0個のターゲット ID が見つかりませんでした。

ターゲット詳細

ターゲット ID	領域数	bp	位置
AR	11	3116	chrX:66764979-66943693
C3	41	5812	chr19:6677883-6720610
F8	29	7792	chrX:154065566-154255102

【ターゲットサマリ】画面でサーチし たターゲットが見つかっていることを 確認します。

ターゲットサーチ結果はSureDesign のゲノムデータベースでのサーチ 結果を示しています。 選択したデザインもしくはプローブ グループ内でターゲットが見つかっ た、という意味ではありません。

X染色体パネルからプローブ選択す る場合にほかの染色体の遺伝子 (左の例ではC3)を入力してもプ ローブは選択されません。

### 必ずデザインをダウンロードして、Report.txt ファイルから 各ターゲットのカバレッジを確認してください。



Step2 Step3 Step4 Step1

### プローブ選択:メソッド2

### 特定の遺伝子または領域用のブローブを選択

### HaloPlex HS / HaloPlex Exome からプローブを抽出する場合

● デザイン ○ ブローブグループ



オル	A
5:	Agit

\*ターゲット:

### ブローブソース

選択	デザイン ID	名前	生物種
	00100-1361547029	HaloPlex Cancer Resear	H. sapiens
✓	00100-1357814080	HaloPlex Exome	H. sapiens
	00100-1358243073	HaloPlex Noonan Syndro	H. sapiens
	00100-1358243605	HaloPlex Connective Tis	H. sapiens
	00100-1358242663	HaloPlex Cardiomyopath	H. sapiens
	00100-1358242818	HaloPlex Chromosome-X	H. sapiens
	00100-1358263628	HaloPlex ICCG ILM	H. sapiens
	00100-1358263563	HaloPlex Arrhythmia ILN	H. sapiens
	4	キャンセル 戻る	次へ

【プローブソースの選択】画面でHaloPlex HS / HaloPlex Exomeを 選択し、【次へ】をクリックします。 次の【特定の遺伝子または領域用のプローブを選択】 画面では、ターゲットとする遺伝子名を入力します。 500以上の場合はターゲットをリストにしたテキスト ファイルをアップロードします。

#### # 遺伝子 ID、遺伝子記号、またはアクセッションを入力してください。 アップロー # SureDesign は、以下のパラメータを使用してこれらのターゲット # をゲノム上の場所にマップし、定義されたプローブソースから 例 # それらの場所と合致するプローブを運択します。 SMAD4 NM 005359 ENST00000342988 CCDS11950 4089 # UCSC ブラウザまたは BED 位置情報を入力してください chr18:48573407-48573675 chr18 48573406 48573675 クリア

【次へ】をクリックします。

### ※ご注意下さい

どの「既存のデザイン」からを選んだかの情報はDesignに自動的 に残りませんので記録いただくか、あらかじめp7 の【詳細情報】 【キーワード】の項目に入力ください。

# SureDesign

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step5

### プローブ選択: メソッド2

### 特定の遺伝子または領域用のブローブを選択

### HaloPlex HS / HaloPlex Exome からプローブを抽出する場合

ブローブグループ名 CancerPlus\_130805\_1\_1

#### ターゲットサマリ

- 47 個のターゲット ID に対して47 個のターゲット(832 領域)が見つかりました。
- 0個のターゲット ID が見つかりませんでした。

#### ターゲット詳細

【ターゲットサマリ】画面でサーチ したターゲットが見つかっている ことを確認します。

ターゲット ID	領域数	Ьр	位置	
ABL1	14	3964	chr9:133589696-133761080	
AKT1	14	1764	chr14:105235912-105258990	
ALK	31	5738	chr2:29416079-30143535	
AR	11	3116	chrX:66764978-66943693	
ATM	62	10411	chr11:108098341-108236245	
BRAF	21	2799	chr7:140426283-140624513	
CDKN2A	5	1155	chr9:21968197-21994463	
CSF1R	22	3449	chr5:149433621-149466000	
CTNNB1	14	2626	chr3:41265549-41280843	
EGFR	32	4734	chr7:55086960-55273320	
ERBB2	29	4545	chr17:37855802-37884307	

UCSC でターゲットを表 この段階ではターゲット名をデー タベースで検索していますが、 ここでターゲットが見つかっても 元のデザインにプローブが含ま れない場合はプローブは選択さ れません。

プローブグループ名を確認、必要に応じて編集し見つかったターゲットの情報を確認します。

## **SureDesign**



HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでのデザイン作成 28

• Step1 💙 Step2 💙 Step3 💙 Step4 🏷 Step5 💙 Ste

# 【コンテンツ追加メソッドの選択】のステップで【アンプリコン IDでプローブを選択】を選択した場合、以下の画面が表示されます。

### > アンブリコン ID でブローブを選択

#### \* アンブリコン ID:

# アンプリコン ID を入力してください AM\_617755\_000001 AM\_617755\_000002 AM\_617755\_000003 AM\_617755\_000004 AM\_617755\_000005 AM\_617755\_000006 AM\_617755\_000007 AM\_617755\_000008 AM\_617755\_000009 AM\_617755\_000010 AM\_617755\_000011 AM\_617755\_000012 AM\_617755\_000013 AM\_617755\_000014 AM 617755 000015 AM 617755 000016 AM 617755 000017

 一元となる既存デザインまたはプローブグループの、 [design ID]\_Amplicons.bedファイルをダウンロードし、
 アンプリコンIDを取得します。必要なアンプリコンIDを抜き 出し、画面にコピー&ペーストするか、アンプリコンIDが
 例 500個を超える場合はテキストファイルとしてアップロードします。

	[design ID]_Amplicons.bedファイルの例							
	A	В	С	D	E	F		
1	browser po	sition chr7:55	086960-55273	320				
2	track name	e=" Amplicons"	description=",	gilent HaloPlex -Test_	30524_2_FF	PE_1 /		
3	chr3	128199639	128199867	AM_61530_000415	1000	+		
4	chr3	128199639	12819986	AM_61530_000416	1000	+		
5	chr3	128199639	12819987	AM_61530_000410	1000	-		
6	chr3	128199639	12819987	AM_61530_000411	1000	-		
7	chr3	128199805	128199867	AM_61530_000350	1 0 0 0	+		
0	1.0	4 004 00000	4 00000070		4 0000			
			アンプリコン	<u>ノID</u> :"AM_"で始まる:	ュニークな	۶ID		
		クリア						





Step1 Step2 Step3 Step4 Step5

プローブ選択: メソッド2

アンブリコン ID でブローブを選択

アンプリコンIDをアップロードする場合、1行につき アンプリコンID1つを記載したタブ区切りテキスト ファイルを作成します。ヘッダは不要です。

アンプリコンIDをアップロードする際の テキストファイル例

【アップロード】をクリックすると、ターゲットファ イルを指定するウィンドウが出てくるので、 【参照】をクリックして作成したテキストファイル を指定し、【アップロード】をクリックします。









### アンブリコン ID でブローブを選択

# 入力が終わったら【次へ】をクリックします。次のページで、プローブグループ名を確認、必要に応じて編集し、入力されたアンプリコンIDの情報を確認します。

\* ブローブグループ名: CatalogPlus\_130805\_2 ターゲットサマリ ● 6 個のアンプリコン ID が入力されました。



**2016D621**ÅII

## Step4 コンテンツの追加/確認

1. プローブ選択開始のメッセージに【OK】をクリックした後、【コンテンツの追加/確認】画面が表示されます。

HaloPlex(アドバ	シスド) <b>コンテンツの追</b>	3加/確認					
デザインの定 ・ コンテンツの 遺伝子ま 既存のつ ファイナライス	議 <b>う追加/確認</b> たは領域のタイリング パローブの選択 く	<ul> <li>コンテンツ道加火、</li> <li>遺伝子または、</li> <li>既存のデザ・</li> <li>特定の</li> <li>・または・</li> <li>このデザイン</li> </ul>	ノッドの選択 よターゲット領域から新規プローブ? インまたはプローブグループからプ り遺伝子または領域用のプローブ? パをファイナライズします	をデザインします ロー <i>ブを選択</i> を選択	-		
HaloPlex デザ	íک ا	プローブグループサ	.Ah				
名前: 生物種: <b>ターゲット領域</b>	CancerPlus_130805_1 H. sapiens	名前 CancerPlus_13080	<mark>ターゲット数</mark> 05_1_1 Processing	ターゲットサイズ	アンプリコン数 アク	ション	
領域数: サイズ:	NA NA						
ンーケンスされ アンプリコン数: サイズ: 価格の階層: カバレッジ: UCSCI	○視戦 NA NA NA ビュー BAM ダウンロード	"					
CD	•				デザインウィザードを閉	じる 戻る	次へ

Step1 💙 Step2 💙 Step3 💙 Step4 💙 Step5 💙 Step6

プローブ選択: メソッド2

5. 【プローブ選択の開始】をクリックします。





以降の作業は p.33 Step4 コンテンツの追加/確認 をご覧下さい。







2. さらにプローブグループの追加をしたい場合は、適切なコンテンツ追加メソッドを選択し、Step3に戻り、プローブ 選択を必要な回数繰り返します。







Step1 > Step2

5. 【ダウンロード】ボタンをクリックすると、プローブグループごとの情報を含んだファイルがダウンロードできます。



# Step4 各ターゲットカバレッジの確認(Report.txtファイル)

ここで示される" O Target IDs were not found"は、SureDesign ゲノムデータベースの サーチ結果です。

# Target S	ummary								
90 Target	IDs resolved	d to 90 targ	ets compris	sing 1804 re	egions.				
0 Target II	)s were not	found.							
Region Siz	e: 299.272	kbp							
# Probe Su	immary								
Total Prob	es: 3120								
Total Prob	es Size: 157	7.069 kbp							
Recomme	nded Minim	num Sequer	ncing per Sa	mple: 31.4	13 Mbp				
# Target P	arameters								
Databases	: RefSeq, Ei	nsembl, CC	DS, Gencod	e, VEGA, SN	IP, CytoBar	nd			
Region: Co	oding Exons								
Region Ext	tension: 10	bases from	3' end and	10 bases f	rom 5' end.				
Allow Synd	onyms: No								
# Target a	nd Probe De	etails							
# Target	ID: The ider	ntifier enter	ed in the Ta	argets list.					
# Interva	l: The geno	mic interva	I of the tar	get.					
# Region	s: The num	ber of regio	ons within t	his target.					
# Size: Th	ne total size	e (in base pa	airs) of the	regions.					
# Databa	se(s): The c	latabases i	n which this	s target was	found.				
# Covera	ge: Bases c	overlapped	by probes (	extended +	/- 100 bp) t	o represen	t likely capt	ture.	
# HighCo	verage: Nu	mber of re	gions with o	overlap >= 9	90%.				
# LowCo	verage: Nu	mber of rea	gions with o	overlap < 90	)%				
TargetID	Interval	Regions	Size	Databases	Coverage	HighCover	LowCover	age	
A1BG	chr19:588	8	1860	Gencode, I	0	0	8		
A1CF	chr10:5250	12	2159	Gencode, l	0	0	12		
A2M	chr12:9220	36	5191	Gencode, I	100	36	0		
A 3 M 41 4	chr12.007	26	E100	Concode	0	0	26		

🗩 🕨 catalog probes test IDP Report 🦄

## 実際の各ターゲットのカバレッジは Report.txt 中のCoverage の項目で 確認ください。0もしくは低いカバレッジの ターゲットは再デザインが必要です。



TargetID	Interval	Regions	Size	Databases	Coverage	HighCover	LowCovera
A1BG	chr19:588	8	1860	Gencode,	0	0	8
A1CF	chr10:5256	12	2159	Gencode,	0	0	12
A2ML1	chr12:897	36	5109	Gencode,	0	0	36
A3GALT2	chr1:33772	5	1123	RefSeq	0	0	5
A4GALT	chr22:4308	1	1357	Gencode,	0	0	1
A4GNT	chr3:13784	2	1063	Gencode,	0	0	2
AACS	chr12:125	18	2379	Gencode,	0	0	18
AADAC	chr3:15153	5	1312	Gencode,	0	0	5
AADACL2	chr3:1514	5	1306	Gencode,	0	0	5
AADACL3	chr1:12776	4	1137	Gencode,	0	0	4
AADACL4	chr1:12704	4	1304	Gencode,	0	0	4
AADAT	chr4:17098	14	1610	Gencode,	0	0	14
AAED1	chr9:99404	6	801	RefSeq	0	0	6
AAK1	chr2:69688	22	3490	Gencode,	0	0	22
AAMDC	chr11:775	3	429	RefSeq	0	0	3
AAMP	chr2:21912	11	1598	Gencode,	0	0	11
AANAT	chr17:7446	4	839	Gencode,	0	0	4
AAR2	chr20:3482	3	1215	RefSeq	0	0	3
AARD	chr8:1179	2	508	RefSeq	0	0	2
AARSD1	chr17:4110	20	2448	Gencode,	0	0	20
AASDH	chr4:57204	14	3615	Gencode,	0	0	14
AASDHPPT	chr11:1059	6	1050	Gencode,	0	0	6
AATF	chr17:3530	12	1923	Gencode,	0	0	12
AATK	chr17:7909	15	4472	Gencode,	0	0	15
ABCA10	chr17:6714	40	5640	Gencode,	0	0	40
ABCA11P	chr4:42959	6	3167	Gencode	0	0	6
ABCA13	chr7:4821	63	16531	Gencode.	0	0	63



Step1 💙 Step

### 各ファイルの内容は下記のとおりです。

### <Design ID>\_Amplicon.bed

	А	В	С	D	E
1	track name	=" Amplicor	ns" descript	ion=" Agilen	it Halo
2	chr10	88635413	88635780	BMPR1 A	
3	chr10	88635413	88635780	BMPR1 A	
4	chr10	88635413	88635780	BMPR1 A	
5	chr1 î	00005440			
6	chr1 デサ	「インに含	含まれる		
7	chrl Amr	licon M	立置情報	を記載	
8	chr1		ᆠᇋᇉᆊ		
9	<sub>chrl</sub> した	bed JP	1 Na		
10	chr10	88635737	88635938	BMPR1 A	
11	chr10	88635766	88635994	BMPR1 A	
12	chr10	88635766	88635994	BMPR1 A	
13	chr10	88635766	88635994	BMPR1 A	
1.4	chrl 0	99635766	88635994		

### <Design ID>\_Report.txt

#### # File Summary

File Type: HaloPlex Design Report Created By: HaloPlex Standard Design Wizard User: fumiko.yoshizaki@agilent.com Workgroup: Agilent Folder: Agilent Time デザインのサマリa一を記

### # De 載したテキストファイル

Design Id: 09230-1348909164 Species: H. sapiens( H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009) Platform: Illumina Read Length: 100 bp

# Target Summary 46 TargetIDs resolved to 49 targets comprising 783 regions. 0 TargetIDs were not found. Region Size: 143.511 kbp

# Amplicon Summary Total Amplicons: 7475 Total Target Bases Analyzable: 142.60 kbp Total Sequenceable Design Size: 385.99 kbp Target Coverage: 99.37 % Recommended Minimum Sequencing per Sample: 77.20 mbp

## <Design ID>\_Covered.bed

Step6

	A		В	С	D	E
1	track r	name	="Covered	″ descriptio	n=" Agilent	Halo Ple
2	chr1		92428159	92428661	BRDT	
3	chr1		92428666	92428761	BRDT	
4	chr1		92430112	92430329	BRDT	
5	chr1		00490400	00490550	DODT	
6	chr1	デ	ザインで	カバーさ	れる	
7	chr1	白	話のない	罟詰品た	司載	
8	chr1	则			市し単化	
9	chr1	し	7こbed ノa	aaアイル	,	
0	chr1		92441624	92442057	BRDT	
1	chr1		92442068	92442163	BRDT	
2	chr1		92442278	92442466	BRDT	
3	chr1		92442510	92443151	BRDT	
4	chr1		92443395	92443490	BRDT	
-	· ·		00440505	00440000	DDDT	

### <Design ID>\_AllTracks.bed

	A	В	С	D	E
1	browser po	sition chr2:	69702990-	69870182	
2	track name	=″Target R	egions" des	scription=" A	Agilent H
3	chr2	69702990	69703105	AAK1	
4					
5	Amplio	con. Cov	/ered. R	egions	<b>D</b>
6	2L =	ちの!!!	起去会	-0	
7	3トフツ	クリ目	報を召		
8	аааааа	ลลลลลส	•		
9			_		
10	bed J	アイル			
11	chr2	09730302	09730002	AANI	
12	chr2	69741592	69741891	AAK1	
13	chr2	69746075	69746382	AAK1	
14	chr2	69747955	69748130	AAK1	
15	chr2	69752154	69752254	AAK1	
16	chr2	6075/337	60754461	A A 1/1	

### <Design ID>\_Regions.bed

l			A	В	С	D
	1	bro	wser po	sition chr2:	69702990-	69870182
	2	trad	ok name	=″Target R	egions"de:	scription=" A
	3	chr	2	69702990	69703105	AAK1
	4	chr	2	69704001	69704132	AAK1
	5	chr	2	69706072	69706203	ΔΔΚ1
	6	ch	最初	CINDUT	たターク	デット
	7	ch		うな地理を		
	8	ch	<b>限</b>	の型画目	FIRと記	戦し/こ
	9	ch	bedフ	ファイルa	aaaaaaaa	Э.
	10	chr	2	0973404Z	09734720	AAKI
	11	chr	2	69736352	69736602	AAK1
	12	chr	2	69741592	69741891	AAK1
$\left  \right $	13	chr	2	69746075	69746382	AAK1
	14	chr	2	69747955	69748130	AAK1

### <Design ID>\_targets.txt

# File Type: Input Targets File

# Timestamp: 29-Sep-2012

# User:

# Created By: HaloPlex Standard Design W # Species: (H. sanians, brd 9, GPCh37, Fab

AAK1 AATK AATK ABL ACTR ACVR1 ACVR1 ACVR1 ACVR1C ACVR2A ACVR2B ACVR2B ACVRL1 ADCK1

SureDesign

ep2 💙 Step3

### コンテンツの追加/確認

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step6



Target Regions - provided in [Design ID]\_Regions.bed

Amplicons - provided in [Design ID]\_Amplicons.bed

Sequenceable Regions - total size provided in the report files

Covered Regions - provided in [Design ID]\_Covered.bed

Missed Regions - provided as a track in [Design ID]\_AllTracks.bed

Analyzable Target Bases - total size provided in the report files

Target Regions	ターゲット領域の位置情報、[Design ID]_Regions.bed に記載
Amplicons	実際に増幅されるアンプリコンの位置情報 [Design ID]_Regions.bed に記載
Sequenceable Regions	Ampliconの位置情報とリード長から計算された、実際にシーケンスされる領域
	この領域の合計が、Report.pdfファイルの"Total Sequenceable Design Size"となります。
Covered Resions	Sequenceable Regionの両端を5 bpずつ削った領域。両端 5 bpは制限酵素認識サイトで
	あるため、バイアスがかかる可能性があり、解析可能領域からは除外しています。
	[Design ID]_Covered.bedに記載
Missed Regions	解析できない領域 [Design ID]_AllTracks.bedの中のトラックとして記載
Analyzable Regions	Target RegionのうちCoveredに入っている領域。
	この領域の合計が、Report.pdfファイルの"Total Target Bases Analyzableとなります。

## **SureDesign**

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step5

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

デザインの定義

▶ コンテンツの追加/確認

<u></u> 貴	( <del>ب</del> _	Ŧ	ŧ	た	は領	域()	D.Ø-	化	レ	ヴ
-----------	------------------	---	---	---	----	-----	------	---	---	---



### コンテンツの追加/確認

7.	デザインもしくはプローブグ	
	ループに修正が必要な場合、	
	【削除】【変更】をクリックしてプ	
	ローブグループの削除・変更を	
	行うことが出来ます。	

このデザインをファイナライズします		
tit -		
すべてのプローブを選択	•	
き伝子またはターゲット領域から新規ブローブをデザインします 既存のデザインまたはブローブグループからブローブを選択		
ノウ垣加メソットの選択		
	ッショニンシャドの選択 伝子またはターゲット領域から新規プローブをデザインします	ッツ追加メソッドの選択 伝子またはターゲット領域から新規プローブをデザインします

名前	ターゲット数	ターゲットサイズ	アンプリコン数	アクション
CancerPlus_130805_1_1	832	138.846 kbp	3067	削除   変更
CancerPlus_130805_1_2	52	17.167 kbp	2362	削除   変更

【削除】をクリックすると下記確認画面が現れ、【は い】をクリックすると、このデザインからプローブグ ループが削除されます。プローブグループ自体が SureDesignから削除される訳ではないため、再度後 ほど選択し直すことも可能です。

	プロープブループの変更
プローブグループの削除	このプローブグルーブの変更を選択しました。
♀ このデザインからプローブグループを削除しますか?	このプローブグルーブが他のデザインで使用されていない場合、 [OK] をクリックすると、プローブグルーブからすべてのプローブが削 除され、プローブグルーブ作成手順に戻ります。
しはい しいいえ	このプローブグルーブが他のデザインで使用されている場合、[OK] をクリックすると、プローブグルーブがこのデザインから削除され、新 規プローブグルーブを作成するためのプローブグループ作成手順 戻ります。オリジナルのプローブグループは削除されません。
	注: ブローブグループ作成パラメータはすべてデフォルト値にリセッ トされます。
CureDesian	OK キャンセル
<b>Salenezi</b> ân	HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでの

【変更】をクリックすると下記確認画面が現れ、【OK】をクリックす ると、再度プローブグループ作成の画面に戻ります。このプロー ブグループが他のデザインに既に使われていれば、変更後に 新規プローブグループを作成、他のデザインで使われていなけ れば、プローブグループの内容は変更内容で上書きとなります。



41

#### Step1 Step4

### コンテンツの追加/確認

8. これ以降のステップを行うと、デザ インの変更・削除ができません。変 更する可能性がある場合、一旦 【デザインウィザードを閉じる】で画 面を閉じてください。

再開するには、ホームタブの 9. 【デザイン作成:進行中】内にある 【Continue】ボタンをクリック してください。

6



## SureDesign

HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでのデザイン作成 42

### ファイナライズ

# Step5 ファイナライズ

 デザイン内容が確定した後、【コンテンツ追加 メソッドの選択】欄で【このデザインをファイナ ライズします】を選択し、【次へ】ボタンを押して ください。

\*これ以降の操作を実行すると、デザインのステー タスがDraftからCompleteに変わり、デザイン内容 の変更や削除はできなくなります。

\*ファイナライズすると、このデザイン情報はアジレントの製造部に送られますが、実際にオーダーするまでは製造は開始されません。

2. 【デザインのファイナライズ】ボタンを クリックしてください。

SureDesign



HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでのデザイン作成

43

Step1 Step2 Step3 Step4 Step5

Step6

### ファイナライズ

- デザインがファイナライズされたことを お知らせするE-mailが、登録されている メールアドレス宛に発送されます。この メールには以下の情報が記載されています。
  - Application名
  - ・デザイン名
  - Design ID
  - ·生物種
  - ・Finalizeした日
- 4. SureDesignにて、ファイナライズした デザインを確認します。

見積もり取得に進むには【オーター】 ボタンを押してStep6に進んでください

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

デザイン詳細を【UCSCビュー】や【ダウン ロード】ボタンから確認できます。ダウン ロードについては次ページの方法で内容 を確認してください。

SureDesign

#### 件名: SureDesign: デザイン 04818-1375684274 がファイナライズされました

#### 1 21 1 21 1 41 1 61 1 81 1 101 1 121 1 141 1 161 1 181 1 201 1 221 1 241 1 261 1 281 1 301 1 321 1 341 1 361 1 381 1 401 1 421 1 441 1 461 1 481 1 501 1 521

#### SureDesign: HaloPlex design finalized

Your HaloPlex design CancerPlus\_130805\_1 has been finalized, and the design files have been transferred to Agilent's manufacturing facility.

The design will not be manufactured until you place an order.

#### Design Details

Application: HaloPlex Design Name: CancerPlus\_130805\_1 Design ID: 04818-1375684274 Species: H. sapiens Finalization Date: 2013-08-05 00:31:14.0



Contact support: <u>informatics\_support@agilent.com</u> Login to SureDesign: <u>www.agilent.com/genomics/suredesign</u> Learn more about Agilent's high performance tools for genomics: <u>www.agilent.com/genomics</u>



#### デザインウィザードの終了

【ダウンロード】ボタンをクリックします。 5 ダウンロード ヘルブ・ダウンロード 🖾 表示されたDownload画面下方の【ダウンロード】ボタンをクリックします。 6. ダウンロードするファイルを選択してください。 SureDesign 04818-1375684274 ✓ 04818-1375684274 AllTracks.bed HaloPlex(アドバンスド) デザイン完了 04818-1375684274 Amplicons.bed ✓ 04818-1375684274\_Covered.bed デザインが完成しました。 ✓ 04818-1375684274\_Regions.bed 名前: CancerPlus\_130805\_1 04818-1375684274\_Report.pdf デザイン ID: 04818-1375684274 04818-1375684274\_Report.txt 生物種: H. sapiens ✓ 04818-1375684274 Targets.txt 領域数:884 ターゲット領域合計サイ ズ: CancerPlus\_130805\_1\_1 ✓ CancerPlus 130805 1 1 AllTracks.bed アンブリコン数:5429 CancerPlus\_130805\_1\_1\_Amplicons.bed ブローブ サイズ: 138.633 kbp CancerPlus\_130805\_1\_1\_Covered.bed 価格の階層: 👩 Tier 1 CancerPlus\_130805\_1\_1\_Regions.bed カバレッジ: 34.78 ✓ CancerPlus\_130805\_1\_1\_Report.txt CancerPlus 130805 1 1 Targets.txt デザインが "Agilent" ワークグループフォルダに保存されました。 閉じる ダウンロード オーダー お気に入りに設定する ダウンロード B UCSC ビュー ファイルのダウンロード 7. ファイルのダウンロード設定をたずねるボックスが このファイルを聞くか、または保存しますか? 名前: 6020811.zi 表示されます。保存を選択し、ファイルの保存先を設定します。 種類 WinZip

インターネットのファイルは役に立ちますが、ファイルによってはコンピューターに問題 を起こすものもあります。発信元が信頼できない場合は、このファイルを聞いたり保 指定したフォルダに、<Design ID>.zipの形式でファイルが保存されます。ダブルクリックで 8. 解凍してください。



Step1

SureDesign

Step3

Step4

Step5

発信元 earray

保存(S)

ル

ファイナライズ

ファイナライズ

Step1 💙

Step4 > Step5

### 各ファイルの内容は下記です。

### <Design ID>\_Report.txt

# File Summary File Type: HaloPlex Design Report Created By: HaloPlex Standard Design Wizard User: fumiko.yoshizaki@agilent.com Workgroup: Agilent Folde たいで Time Designのサマリーを記載

# De したテキストファイルz Design Name nato cest Design 14: 09230-1348909164 Species: H. sapiens( H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009 Platform: Illumina Read Length: 100 bp

#### # Target Summary

46 TargetIDs resolved to 49 targets comprising 783 regions. O TargetIDs were not found. Region Size: 143.511 kbp

# Amplicon Summary Total Amplicons: 7475 Total Target Bases Analyzable: 142.60 kbp Total Sequenceable Design Size: 385.99 kbp Target Coverage: 99.37 % Recommended Minimum Sequencing per Sample: 77.20 mbp

### <Design ID>\_Report.pdf

### **Design Information**

Region Size: 143.511 kbp

### <Design ID>\_targets.txt

# File Type: Input Targets File # Timestamp: 29-Sep-2012 # User: # Created Bv: HaloPlex Standard Design W #Speci 最初にInputしたターゲット AAK1 の内容 AATK ABL ACTR ACVR1 ACVR1 B ACVR1C ACVR2A ACVR2B ACVRL1

SureDesign



ADCK1

ファイナライズ

#### Step5

### <Design ID>\_Amplicon.bed

	A		В	С	D	E							
1	track n	ame	=" Amplicor	ns" descript	ion=" Agiler	nt Halol							
2	chr10		88635413	88635780	BMPR1 A								
3	chr10		88635413	88635780	BMPR1 A								
4	chr10		88635413	88635780	BMPR1 A								
5	chr10												
6	chr10	D	Designに含まれる										
7	chr10	Δ	Ampliconの位置情報を										
8	chr10	=-											
9	chr10	āC	こ戦しにり	ed ノアイ	ル								
10	chr10		88635737	88635938	BMPR1 A								
11	chr10		88635766	88635994	BMPR1 A								
12	chr10		88635766	88635994	BMPR1 A								
13	chr10		88635766	88635994	BMPR1 A								
14	chrl O		88635766	88635994	RMPP1 A								

### <Design ID>\_Covered.bed

le

			U	0		L
1	track	name	="Covered	″ descriptio	n=" Agilen	t HaloPi
2	chr1		92428159	92428661	BRDT	
3	chr1		92428666	92428761	BRDT	
4	chr1		92430112	92430329	BRDT	
5	chr1		00420400	00400550	DDDT	
6	chr1	De	signでカノ	バーされ	る	
7	chr1	臼	ような開	「「「「」」	日載	
8	chr1	し単ん				
9	chr1	した	こbedノア	イル		
0	chr1		92441624	92442057	BRDT	
1	chr1		92442068	92442163	BRDT	
2	chr1		92442278	92442466	BRDT	
3	chr1		92442510	92443151	BRDT	
4	chr1		92443395	92443490	BRDT	
-	· ·		00440505	00440000	DDDT	

### <Design ID>\_Regions.bed

	A	В	B C										
1	browser position chr2:69702990-6987018												
2	track name	="Target R	scription=" A										
3	chr2	69702990	69703105	AAK1									
4	chr2	69704001	69704132	AAK1									
5	chr?	69706072	69706203	AAK1									
6	□ 最初(	c 最初にInputl たターゲット											
7													
		カノナ・宇に手	キャナショナ	<u>+ 1</u>									
8	。領域(	の位置情	報を記載	覚した									
8	。領域の 。 bedフ	D位置情 ァイル	報を記載	戈した									
8 9 10	c 領域の c bedフ cnrz	D位置情 アイル ™134042	報を記載										
8 9 10 11	。領域の c bedフ cnrz chr2	D位置情 アイル <sup>09734042</sup> 69736352	報を記載 09734720 69736602										
8 9 10 11 12	c 領域の c bedフ cnrz chr2 chr2	D位置情 アイル <sup>09734042</sup> 69736352 69741592	報を記載 69736602 69741891										
8 9 10 11 12 13	c 領域の c bedフ chr2 chr2 chr2 chr2	D位置情 アイル <sup>09734042</sup> 69736352 69741592 69746075	報を記載 69736602 69741891 69746382	аакі ААК1 ААК1 ААК1 ААК1									
8 9 10 11 12 13 14	c 領域の c bedフ chrz chr2 chr2 chr2 chr2 chr2 chr2	D位置情 アイル <sup>09734542</sup> 69736352 69741592 69746075 69747955	報を記載 69734720 69736602 69741891 69746382 69748130	аакі ААКІ ААК1 ААК1 ААК1 ААК1									

### <Design ID>\_AllTracks.bed

	A	В	С	D	E							
1	browser position chr2:69702990-69870182											
2	track name="Target Regions" description="A											
3	chr2	69702990	69703105	AAK1								
4	• •											
5	Amplic	con, Cov	vered, R	egions	り 二							
6	2 L =		起た合言	F.								
7	3トフツクの「育報を含む											
8	bed 7	ァイル										
9												
10	chr2	69734542	69734720	AAK1								
11	chr2	69736352	69736602	AAK1								
12	chr2	69741592	69741891	AAK1								
13	chr2	69746075	69746382	AAK1								
14	chr2	69747955	69748130	AAK1								
15	chr2	69752154	69752254	AAK1								
16	chr?	6075/337	60754461	A A 1/1								

## **SureDesign**

オーダー

# Step6 オーダー(見積もり依頼)

これ以降の操作につきましては 購入方法の資料もご参考ください。

SureDesign日本語資料サイト内「購入方法」 http://www.chem-agilent.com/contents.php?id=1002474





オーダー

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

<u>方法A</u>;前項の続き画面から手配する方法場 合、【オーダー】ボタンをクリックします。



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

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

SureDesign

オーダー





HaloPlex HS / HaloPlex カスタム アドバンスドオプションでのデザイン作成 50



閉じる



Step1 Step2 Step3 Step4 Step5 Step6

### オー

### 5) 見積もり請求が送信された旨、メールが到着します。

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

タイトル; SureDesign: HaloPlex HS / HaloPlex / HaloPlex HS キットの お見積依頼を受信しました

内容;デザイン情報および見積もり依頼で 設定いただいた内容 件名: SureDesign: HaloPlex キットのお見積依頼を受信しました

																		÷
ī	Χ	1 121	141	161	181	1101	1121	1 14 1	1161	1 18 1	1201	1221	1241	1261	1281	1301	1321	Î

#### SureDesign: Request for quote

We have received your request-for-quote for the following HaloPlex kit:

Design Details Design ID: 04818-1375687939 Design Name: CancerPanel\_130805 Species: H. sapiens

<u>Kit Details</u> Sequencing Platform: Illumina # Samples: 48 Quantity: 1 Design Part Number: G9901C

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



標準納期は発注後 約6~8週間です。

# お問い合わせ先

• SureDesignに関するサポートお問い合わせ窓口

TEL: 0120-477-111 E-mail : email\_japan@agilent.com

SureDesign に関する質問と明示ください。 価格、納期等のご質問は、担当営業にご連絡ください。

