SureDesign CGHアプリケーション ~CreateDesigns機能~

CGH/CGH+SNP スタンダード デザインウィザードによる デザインの作成 (p.4)

CGH/CGH+SNP アドバンスド デザインウィザードによる デザインの作成 (p.11)

1x1M・2x400K・4x180K・8x60K フォーマットのマイクロアレイのスキャンには、高解像度仕様のAgilent スキャナが必要です。

2014年2月作成

カスタムアレイ作成の流れ (スタンダード デザインウィザード): p.4より

ヒト・マウス・ラットのアレイデザイン用に最適化されています。



カスタムアレイ作成の流れ (アドバンスド デザインウィザード): p.11より



CGH/CGH+SNP スタンダード デザインウィザードによる デザインの作成

CGH/CGH+SNP スタンダード デザインウィザードは、ヒト、ラット、マウスのアレ イデザイン用に最適化されています。

- 選択したアレイフォーマットに搭載可能なプローブ数を越さないように、ターゲット領域のプローブ密度が自動的に選択されます。
- 標準コントロールグリッドが自動的に含まれます。
- ゲノム全体に配置されたノーマライゼーションプローブが自動的に含まれます。
- レプリケートプローブが自動的に含まれるため、Agilent Feature Extractionで QC メトリック計算が可能です。

別の生物種に対してデザインする場合、またはデザインの柔軟性を高めたい場合、ア ドバンスド ウィザードを使用してください.

注意:使用されるPC画面の大きさにより、各ステップの画面右下のボタン(例:Next) が画面上に表示されないときは、画面右のスクロールバーを併せてお使いください。

- 1. 画面、上にあるCreate Designsをクリックします。
- 2. CGHを選択します。



Designウィザードの開始

- 1. Define Design: 下記内容を設定し、右下の Next をクリックします。
- Design Name: デザイン名を入力します。
 - 入力できる名前の長さは100文字未満です。先頭に使用できる文字は英数字(A~Z、a~z、0~9)のみです。それ以降に使用できる文字は英数字、アンダースコア(_)、ピリオド(.)、ハイフン(-)です。
- Spacies: 生物種を選択します。右の Select をクリックし、これからデザインする生物種 を選びます。
- Create In: デザインの作成先フォルダを設定します。右の Select をクリックし、フォル ダを選択します。
- Application: CGHかCGH+SNPを選択します
- Array format: マイクロアレイフォーマットを選択します。(ApplicationでCGH+SNPを 選択している場合、1x1M・2x400K・4x180K・8x60Kのみ選択可能)
- SNP probes (ApplicationでCGH+SNPを選択しているときに表示されます)

8x60K:	Genomic_SNP_15K
4x180K:	Genomic_SNP_30K
	Genomic_SNP_60K
2x400K, 1x1M:	Genomic_SNP_60K
	Genomic_SNP_100K*

*1SNPあたり2プローブが配置されているものも含まれています。

SureDesign		Help - Define Des
CGH Define Des	sign	
 Define Design Define Targets Review Targets Select Probes Finalize Design Complete 		Design Name: Species: H. sapiens Select Build: H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009 Create In: Agilent Select
CGH Array Design Name: Species:	NA	* Application: ССИ • * Array Format: 8 × 60 К •
Format: Target Regions # Regions Size: Probes	NA NA	The CGH/CGH+SNP Standard Design Wizard is optimized for Human, Rat and Mouse array designs: Automated Probe Density selection to fill the selected array format. Automated indusion of standard control grid. Automatic indusion of nonramization probes distributed throughout the genome. Automatic indusion of realizate probes to semit for gratic facturation in Asilent Feature Extraction
# CGH Backbone: Probe Spacing: CGH Replicates: # Norm. Rep.:	NA NA NA NA NA	If you are designing to another species, or require more flexibility in your design, please use the Advanced Wizard.
# Ctrl. Probes: % Filled:	NA NA UCSC View Download	_
		Cancel Next

2. Define Target: 下記内容を設定し、右下の Next をクリックします。

 Target: Gene Name・Transcript ID・Gene IDや染色体位置情報*によりターゲットを入 力します。Databases・Parametersの設定内容に基づき、これらのターゲットをゲノム上 にマップし、定義されたプローブデータベースから、それらの場所に一致するプローブグ ループが選択されます。右の Upload ボタンでファイルをアップロードすることも可能で す。(* UCSC browserフォーマットかBEDフォーマットで入力)

ファイルをアップロードする場合、ファイルが下記形式であることを確認してください。

- ファイル拡張子は.txt であること
- 1列に1ターゲットを入力すること
- ターゲットは gene symbol、accession、chromosomal coordinates、UCSC browserフォーマット か BED フォーマットであること

☆フォーマットなどについて詳しくは右の Example を参照

- Databases: ターゲットの染色体位置情報を参照するデータベースを選択します。作成する 生物種にあったものを選択してください。
- Parameters:
 - Replicate Count: プローブの繰り返し回数を設定(1~10)
 - Genome-Wide Backbone: ターゲット以外の領域(=Backbone) に、均等に配置 するプローブの数を設定します。(CGHを選択したときのみ使用可能)

例 5%: 搭載できるプローブ数の 5% までを backboneに使用

- Include Flanking Regions (5' and 3'): 遺伝子で入力されたターゲットの各エクソン/UTR の近傍領域も含める場合は、その近傍の塩基数を入力(染色体位置情報で入力されたター ゲットに対してはこの近傍領域は考慮されません)
- Allow Synonyms: この項目にチェックした場合は、ターゲットとして入力された遺伝子名 についてSynonymsも参照対象とし、その染色体位置情報をもとにすることがあります。 もし入力した遺伝子名が他の遺伝子のSynonymsにも含まれている場合は、両方をター ゲットとして選択されます。

例:ターゲットにHER2と入力した場合、SureDesignはERBB2に基づき染色体位置情報のマッピングを行います。

例:ターゲットにDSPと入力した場合、desmoplakinとdentin sialophosphoproteinの2つの遺伝子として、位置情報をそれぞれターゲット領域として決定。



3. Review Target: ターゲットとして認識された領域一覧と、プローブの数を確認できます。

1. 内容を確認し、必要に応じて Backをクリックしてターゲットやパラメータの変更を行いま す。内容に問題なければ Begin Probe Selectionをクリックします。

Target Summary:

(1列目) Define targetで入力されたターゲットの数

(2列目) SureDesignが認識した染色体位置情報の数。ターゲットが複数の染色体位置 にマップされた場合は、Define targetで入力した数以上の出力があることがあります。

(3列目) SureDesignがデータベースで見つけられなかったターゲットの数

Define Design Define Targets Review Targets Select Probes Finalize Design Complete	Ŭ	 Target Summary 37 identifiers entered. 37 identifiers found. 0 identifiers not found Target Details 			View
		Target ID	# Regions	Base Patrs	Position
CGH Array Destan		ABAT	1	110011	chr16:8768422-8878432
Name:	Test_Yuko4	ABCA12	1	206886	ohr2:215796266-216003151
Species:	H. sapiens	ABCA4	1	128315	ohr1:94458391-94586705
Format:	2 × 400 K	ABCB11	1	109270	chr2:169778564-169887833
Target Regions		ABCB4	1	78739	ohr7:87031013-87109751
# Regions Size:	37 5.684 Mbp	ABCB7	1	103169	chrX:74273007-74376175
Probes		ABCC1	1	193498	ohr16:16043434-16236931
#CGH Backbone:	~ 37894 96341	ABCC8	1	84018	chr11:17414432-17498449
Probe Spacing:	~ 150 bp	ABHD5	1	44259	ohr3:43731605-43775863
# SNP Probes:	96341	ACADS	1	14274	ohr12:121163538-121177811
# Norm. Rep.:	5032 5000	ACAN	1	71912	ohr15:89346674-89418585
# Ctrl. Probes:	6700	ACAT1	1	26649	ohr11:107992243-108018891
	~ 58 84%				

(2x400K CGH+SNPの例)
バックボーンプローブ:96,341
ノーマライゼーションプローブ:5,032
レプリケートプローブ:5,000
コントロールプローブ:6,700
SNPプローブ:96,341
ターゲットのプローブ:~37,894 (繰り返し=x1)
プローブ占有率:58.84%

Name:	Test_Yuko4
Species:	H. sapiens
Format:	2 × 400 K
Target Regions	
# Regions Size:	37 5.684 Mbp
Probes	
# CGH Backbone:	~ 21087 96341
Probe Spacing:	~ 269 bp
CGH Replicates:	10
# SNP Probes:	96341
# Norm. Rep.:	5032 5000
# Ctrl. Probes:	6700
% Filled:	~ 100.0%
	UCCOVER Developed

同じターゲットで繰り返しを x10 にすると ターゲットのプローブが ~21,807 となり プローブ間隔(Probe spacing)が 150 bp から 269 bpへと 変化しました。 プローブ占有率は ~100%

次の画面で Close Design Wizardをクリックします。(この後 SureDesignをログアウトしても結構です) Homeタブ上の Designs: In Progress (p.8 図参照) で状況を確認できます(ズタンをクリックし更新できます)。

作成したデザインのFinalize

1. プローブの選択作業が完了すると、メールで完了が知らされます。メールには下図のよう なサマリファイルが添付されています。

Design Information

Design Name: tttesttt Species: H. sapiens (H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009) Array Format: 8 x 60 K Total Probes in design: 62976

Target Summary

9 Target IDs resolved to 9 targets comprising 9 regions. 0 Target IDs were not found. Region Size : 1.058 Mbp

Target Parameters

Databases: RefSeq, Ensembl, CCDS, Gen Region: Entire Transcribed Region Region Extension: 0 bases from 3' end a Allow Synonyms: No

Biological Probe Summary

Probegroup Name: tttesttt Probe Replication Factor: 1x Total Unique Probes: 7054 Median Probe Spacing: 91 bp Total Target Bases Analyzable: 791.964 k Target Coverage: 74.84315 % Percentage of High Quality Probes: 64.48 Design Details

Target ID	Interval	Coverage	Total Probes	Median Probe Spacing
ABAT	chr16:8768422-8878432	64.3872%	641	82
ABCA12	chr2:215796266-216003151	76.99023%	1451	91
ABCA4	chr1:94458391-94586705	90.606705%	1050	92
ABCB11	chr2:169778564-169887833	74.87142%	715	92
ABCB4	chr7:87031013-87109751	80.754135%	569	93
ABCB7	chrX:74273007-74376175	65.82597%	618	83
ABCC1	chr16:16043434-16236931	62.919514%	1017	94
ABCC8	chr11:17414432-17498449	85.99348%	658	91
ABHD5	chr3:43731605-43775863	86.49088%	335	93

2. Home画面の Designs: In ProgressのリストにあるデザインのContinueボタン をクリックします。

SureDesign Arme Find Designs	Create Designs
Start Designing	
Designs: In Progress Test_Yuko4 CGH Updated 09-Feb-2014 H05earch (Complete)	Draft 🎗 🕞

1. Finalize

このデザインをファイナライズすることができます。ファイナライズすると、次のとおりとな ります。

- デザインを変更できなくなります。
- ・ デザイン ID が割り当てられます。
- デザイン情報がアジレントの製造設備に送信されます。製造作業は、正式に発注されるまで開始されません。

GH Finalize								
Define Design Define Targets Review Targets Select Probes Finalize Design Complete		You are now ready The design A design IC Design info purchase o	to finalize this design. After finalizing: can no longer be modified. will be assigned. rmation will be sent to Agilent's manuf rder.	acturing fa	oility. Manufaot	uring will not beg	in until you have submitted a	
		Target Details						
CGH Array Design		Target ID	Interval	Length	Coverage	Total Probes	Median Probe Spacing	
Name:	Test_Yuko4	ABAT	chr16:8768422-8878432	110011	77.95948%	327	220	ĥ
Species:	H. sapiens	ABCA12	chr2:215796266-216003151	206886	84.945335%	799	191	
Format:	2 × 400 K	ABCA4	chr1:94458391-94586705	128315	97.11335%	594	184	-
Target Regions		ABCB11	chr2:169778564-169887833	109270	83.6753%	411	194	
# Regions Size:	37 5.684 Mbp	ABCB4	chr7:87031013-87109751	78739	88.82384%	306	197	
Probes		ABCB7	ohrX:74273007-74376175	103169	76.89131%	330	207	
#CGH Backbone:	21087 96341	ABCC1	ohr16:16043434-16236931	193498	80,89024%	565	238	
Median Probe Spacing:	201 bp	ABCCB	chr11-17414437-17498449	84018	94 17863%	355	199	
CGH Replicates:	10	ARHDS	obs2-41721605-41775861	44759	96.820984%	181	210	
# SNP Probes:	96341	10105			00.0107010	-	210	
# Otd. Probac:	6700	ALAUS	onr12:121103030-1211/7011	14274	00.0102/%	42	257	
% Filled:	100.0%	ACAN	chr15:89346674-89418585	71912	93.236176%	307	189	
		ALAT1	ohr11:107992243-108018891	26649	80.46456%	81	228	

- Download: 各種ファイルをダウンロードして 内容の確認が可能
 - 例:「…_Report.txt」というファイルには

各ターゲットの Coverage・total probe数・ Median Probe Spacing (bp) の情報が含ま れています。

Download	Help - Download 🤅
Name: Test_Yuko4	
Please select files to download.	
Test_Yuko4	^
Test_Yuko4_Report.pdf	
Test_Yuko4_Report.txt	
🗉 🗹 Test_Yuko4	=
Test_Yuko4_AllTracks.bed	
✓ Test_Yuko4_Covered.bed	
Test_Yuko4_Probes.txt	
Test_Yuko4_Regions.bed	
 Test_Yuko4_Report.txt 	
✓ Test_Yuko4_Targets.txt	
Test_Yuko4_backbone	
Test_Yuko4_backbone_AllTracks.bed	
Test_Yuko4_backbone_Covered.bed	
Close	Download

• Modify Design: 現在選択されているプローブ内容をリセットし、ターゲットリストの入力 画面にもどります。

Modify	Design		\otimes)
P	You have chosen to modify this design. Click OK to remove all probes from the design and return to your target list.			
	Note: All selection parameters will be reset	to defaul	t values.	
		ОК	Cancel	

内容の確認が完了したら、Finalize Design をクリックします。

2. Design Complete

デザインがファイナライズされました。statusが Completeとなり、Design ID が発行されます。Finalize直後ではDownloadからデザインファイルなどのダウンロードができませんが、しばらくすると可能になります。

SureDesign		Help - Design Complete
CGH Design Complete		
Name:	Test_Yuko4	*
Design ID:	064344	
Species:	H. sapiens	
Array Format:	2 × 400 K	
Category:	CGH+SNP	
# Target Regions:	37	
Total Target Regions Size:	5.684 Mbp	
Probe Spacing:	201 bp	
CGH Replicates:	10	
# CGH Probes:	210870	
# SNP Probes:	96341	
# Control Probes:	6700	
# Normalization Probes:	5032	
# Replicate Probes:	5000	
# Backbone Probes:	96341	
Percentage Filled:	100.0	
Your design has been saved	in the "Agilent" workgroup folder.	
	Order Mark as Favorite Download UCSC View	
		Exit Design Wizard

ご発注いただく際は、Design ID とスライド枚数を弊社担当営業にお知らせください。

CGH/CGH+SNP アドバンスド デザインウィザードによる デザインの作成

ヒト・マウス・ラット以外の生物種に対してデザインする場合、またはデザインの柔 軟性を高めたい場合、アドバンスド ウィザードを使用してください。 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。定義したターゲット領域にプローブを選択することも、ユーザ定義の 配列をもつプローブをアップロードすることも、すでに存在するプローブグループを 含めることもできます

注意:使用されるPC画面の大きさにより、各ステップの画面右下のボタン(例:Next) が画面上に表示されないときは、画面右のスクロールバーを併せてお使いください。

- 1. Show Advanced Optionsをクリックします。
- 2. 画面右上にあるCreate Designsをクリックします。
- 3. CGHを選択します。

SureDesign	Home	Find Designs	Create Designs	1
		11	SureSelect DNA HaloPlex	Show Advanced Options
Start Designing		3	CGH	
SureSelect DNA Hal		ChIP	ChIP	

- 4. Choose Wizard はAdvancedを選択します。
- 5. Choose Design or ProbegroupからCreate Designを選択します。
- 6. 画面右下Continueをクリックします。



Designウィザードの開始

- 1. Define Design: 下記内容を設定し、右下の Next をクリックします。
- Design Name: デザイン名を入力します。
 - 入力できる名前の長さは100文字未満です。先頭に使用できる文字は英数字(A~Z、a~z、0~9)のみです。それ以降に使用できる文字は英数字、アンダースコア (_)、ピリオド(.)、ハイフン(-)です。
- Spacies: 生物種を選択します。右の Select をクリックし、これからデザインする生物種 を選びます。ApplicationをCGH+SNPに選択している場合、ヒトのみ選択可能です。
- Create In: デザインの作成先フォルダを設定します。右の Select をクリックし、フォル ダを選択します。
- Application: CGHかCGH+SNPを選択します
- Array format: マイクロアレイフォーマットを選択します。(ApplicationでCGH+SNPを 選択している場合、1x1M・2x400K・4x180K・8x60Kのみ選択可能)
- Control Grid: 最も新しい日付のものを選択することをお勧めします。

SureDesign			Help - Define Design
CGH (Advanced) Define Desig	n		
Define Design			
Add/Review Content	* Design Name:		
Select HD probes	* Species:	H. sapiens Select	
Select Existing Probes			
Upload probes	Build:	H. sapiens, hg19, GRCh37, February 2009	
Tile Genes or Regions	* Create In:	Agilent Select	
Finalize	* Application:	ССН	
CGH Array Design	* Array Format:	8 × 60 K	
Name: NA	* Control Grid:	IS-62976-8-V2_8by60K_CGH_Hs_20080925 🔻	
Species: NA	Description:		
Format: NA	bescription.		
Probes			
# CGH Probes: NA	Kouworde		
# Ctrl. Probes: NA	Keywords.		
# Norm. Probes: NA			
# Rep. Probes: NA			
& Fillori NA			
UCSC View	Download		
			Cancel Next

2. Add/Review Content

SureDesign									Help - Ad	d/Review Conten
CGH (Advanced)	Add/Review Content									
Define Design Add/Review Cr Select HD pro- Select Probe- Select Existi Upload probe- Tile Genes or Finalize	ontent obes s from SNP ng Probes as r Regions	Select Content Addition Select Probes from Select probes from Select probes from Upload probes Design new probes Or	Method Agilent Hig SNP an existing	h Definition I g Design or P enes or regio	Database robegroup v					
CGH Array Design Name: Species:	testtesttest	Finalize this design Probegroup Summary	1						Apply (hanges 🛃
Format:	8 × 60 K	Name	# Targets	Target Siz	# Probes	туре		Properties	# Reps	Actions
Probes # CGH Probes: # SNP Probes: # Ctrl. Probes:	NA NA 5580	Human_CGH_1k_Agilent Human_CGH_1k_Agilent			1000 1262	CGH CGH	•	N R F	5	Remove Remove
# Norm. Probes: # Den Drohes:	1262 Ennn UCSC View Download	•			1	1	Cla	ise Design Wizard	Bad	k Next

ゲノム全体から選抜されたレプリケートプローブとノーマライズプローブが表示されているこ とがあります。もしカスタムアレイのコンテンツに加えたくなければ 右のRemove をクリッ クしてください。

- Select Probes from Agilent High Definition Database
 (Agilent 高解像度データベースからプローブを選択) →p.14
- 2) Select probes from SNP (SNP からプローブを選択) * →p.18 ApplicationでCGH+SNPを選択しているときのみ表示されます。
- 3) Select probes from an existing Design or Probegroup

(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)

- A. Select all probes (プローブグループ内のすべてのプローブを選択)→p.20
- B. Select Probes from Probe ID (プローブIDでプローブを選択) →p.22
- 4) Upload probes (プローブのアップロード) →p.25
- 5) Design new probes by tiling genes or regions

(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)→p.26 対応生物種が限られます。

注意:この新規プローブ作成機能で作られたプローブは、Agilent高解像度データベースのプローブ(p.14)や既存カタログアレイ上のプローブ(p.20)よりもパフォーマンスが低いことが多いため、Agilent高解像度データベースなどにプローブがない場合にのみお使いください。

6) Finalize this design (このデザインをファイナライズします) →p.30

1)-5) いずれかを選択し (3を選択する場合はSelect all probes/Select Probes from Probe ID も選択し)、右下の Nextをクリックします。 13

1) Select Probes from Agilent High Definition Databaseを選択した場合 (Agilent 高解像度データベースからプローブを選択)

- 1)-1. 下記内容を設定し、右下の Next をクリックします。
- Target: Gene Name・Transcript ID・Gene IDや染色体位置情報*によりターゲットを入 力します。Databasesなどの設定内容に基づき、これらのターゲットをゲノム上にマップ し、定義されたプローブデータベースから、それらの場所に一致するプローブグループが 選択されます。右の Upload ボタンでファイルをアップロードすることも可能です。(* UCSC browserフォーマットかBEDフォーマットで入力)

ファイルをアップロードする場合、ファイルが下記形式であることを確認してください。

- ファイル拡張子は.txt であること
- 1列に1ターゲットを入力すること
- ターゲットは gene symbol、accession、chromosomal coordinates、UCSC browserフォーマット か BED フォーマットであること

☆フォーマットなどについて詳しくは右の Example を参照

- Databases: ターゲットの染色体位置情報を参照するデータベースを選択します。作成する 生物種にあったものを選択してください。
- Include Flanking Regions (5' and 3'): 遺伝子で入力されたターゲットの各エクソン/UTR の近傍領域も含める場合は、その近傍の塩基数を入力(染色体位置情報で入力されたター ゲットに対してはこの近傍領域は考慮されません)
- Allow Synonyms: この項目にチェックした場合は、ターゲットとして入力された遺伝子名 についてSynonymsも参照対象とし、その染色体位置情報をもとにすることがあります。 もし入力した遺伝子名が他の遺伝子のSynonymsにも含まれている場合は、両方をター ゲットとして選択されます。

例:ターゲットにHER2と入力した場合、SureDesignはERBB2に基づき染色体位置情報のマッピングを行います。

例:ターゲットにDSPと入力した場合、desmoplakinとdentin sialophosphoproteinの2つの遺伝子として、位置情報をそれぞれターゲット領域として決定。

SureDesign		Help - Select HD probes
CGH (Advanced) Select Probes from Agilen	t High Definition Database Define Targets	
Define Design 💗	* Targets:	
Add/Review Content %	# Enter gene IDs, gene symbols, or accessions. Upload	
Select HD probes	# SureDesign will map these targets to genomic locations	
Select probes from SNP	# using the parameters below, then select probes from the	
Select Existing Probes	SMAD4	
Upload probes	NM 005359	
Tile Genes or Regions	ENST00000342988	
Finalize	CCD511950	
	4089	
	# Enter UCSC browser or BED coordinates	
CGH Array Design	chr18:48573407-48573675	
Name: testtesttest	chr18 48573406 48573675	
Species: H. sapiens	Clear	
Format: 8 x 60 K	# Enter coordinates with identifiers	
Probes	* Databases	
# COH Probes: NA	Refseq	
# SNP Probes: NA	Ensembl	
# CtrL Probes: 5580	CCDS AND Synonyms	
# Norm.	Gencode	
Probes: 1262	V VEGA	
# Den Drohes: RANN	V Cycosaid	
UCSC View Download		
	Cance	Next

1)-2.ターゲットとして認識された領域一覧を確認し、右下の Next をクリックします。

Target Summary:

(1列目) Define targetで入力されたターゲットの数

(2列目) SureDesignが認識した染色体位置情報の数。ターゲットが複数の染色体位置にマップされた場合は、Define targetで入力した数以上の出力があることがあります。

(3列目) SureDesignがデータベースで見つけられなかったター ゲットの数

Define Design		V Farget Summary				<u> </u>
Add/Review Cor	ntent	 12 identifiers ente 12 identifiers feue 	red.			1
Select H	ID probes	0 identifiers not for	und.			
Select pro	obes from SNP					
Select Ex	isting Probes	Target Details				
Upload pr	robes				View ta	rgets in UC
Tite Gene Finalize	s or Regions	Target ID	# Regions	Base Pairs	Position	
		ADAM17	1	67307	chr2:9628615-9695921	
cu		ADAMTS1	1	9123	chr21:28208606-28217728	
GRATTAY Design	•	ADAMTS10	1	30497	chr 19:8645124-8675620	
Name:	testtesttest	ADARB1	1	152711	chr21:46493768-46646478	
Format:	R x 60 K	ADCK3	1	90010	chr1:227085237-227175246	
trober		ADH7	1	23477	chr4:100333418-100356894	
# CON Brober	MA	ADSL	1	43964	chr 22:40742504-40786467	
# SNP Probes:	NA	AFF2	1	500055	cbrX:147582139-148082193	
# Ctrl. Probes:	5580	AFF3	1	595486	cbr2:100163716-100759201	
# Norm.	1242	AGAD1		437712	cbr2:226402722.227040444	
Probes:	1202	AGRET		4404400		
# Dan Drohat:	5000			1471100		
	UCSC View Downlo	ad	1	39494	cnrs:/63250/6-/6361059	

Download をクリックすると、ターゲット領域情報の詳細など各種ファイルをダウンロードできます。

1)-3. Probe Groupの名前を入力し、パラメータを設定したあと Begin Probe Selectionをクリックします。

nebesign			intep i statet no pro
GH (Advanced)	Select Probes from Agilent	High Definition Database Enter Parameters	
Define Design Add/Review Cor	v ntent v	* Probegroup Name: testtesttest_1	
Select H	ID probes	Selection Parameters	
Select pro	obes from SNP	Selection Method: Total Probes	
Select Exc	isting Probes	Probes Per Interval	
Upload pr	obes	0	
Tile Gene	s or Regions	0	
Finalize	-		
		Include Regions: All	
CCH A reav Decise		Similarity Filter: Similarity Score 💌	
Nama			
Species:	H. sapiens		Reset
Format:	8 × 60 K		
Probes			
# COH Probes:	NA		
# SNP Probes:	NA		
# Ctrl. Probes:	5580		
# Norm.	1242		
Probes:	1202		
# Dan Drohat:	5000		
	UCSC View Download		

パラメータ

Selection Method

Total Probes: 全ターゲットに配置する全プローブ数を設定します。設定しているマイ クロアレイのフォーマットの最大搭載プローブ数により、入力可能な数字の上限が決ま ります。

Probes Per Interval: 各ターゲットに配置するプローブ数を設定します。設定している マイクロアレイのフォーマットの最大搭載プローブ数とターゲットの数により、入力可 能な数字の上限が決まります。

• Include Regions

All: すべての領域 Exonic: エクソン領域 Intragenic: 遺伝子領域

• Similarity Filter

No Filter: フィルター無し Similarity score: 標的領域以外に、100%もしくは高い相同性を持つ領域がリファレ ンスゲノムに対してないプローブのみを選択。 Perfect Match: 100%同じ配列を持つ領域がリファレンスゲノムに対して1箇所しか

ないプローブのみを選択。(標的領域以外に、高い相同性を持つ領域がリファレンスゲ ノムに対して1箇所以上あるプローブは選択結果に含まれます) 1)-4. 最初の画面にもどります。Probegroup Summaryに新しく作成したProbe Groupが表示されます。作成が完了されるまでは Processingという表記になっていますが、Probe Groupの作成が完了するとメールが届きます。

ureDesign								He	lp - Add/Review Con
CGH (Advanced)	Add/Review Content								
Define Design Add/Review C Select HD pi Select Exist Upload prot Tile Genes C Finalize	Content robes es from SNP ing Probes pes pr Regions	Select Content A Select Probe Select probe Select probe Select probe Design new - Or - Finalize this	Idition Meth s from Agile s from SNP s from an ex robes es probes by ti design	od nt High Definitio kisting Design or	n Datab Probej gions	group			
CGH Array Desig	n		-						
Name:	testtesttest	Probegroup Summ	ary						Apply Changes 🛛 🐔
Format:	2 x 400 K	Name	# Targote	Target Size # 1	robor	Type	Broportion	# Door	Actions
Probes		testtesttest_2	Processing	in get sie wi		1,900	moperates	. Keps	Actions
# CGH Probes:	NA	Human CGH 1k		10	0	ССН 💌		5	Remove
# SNP Probes:	NA								
# CCFC Probes: # Norm.	5032	Human_CGH_5k_		50:	12	CGH 💌	⊠ N □ R □ F	1	Remove
Probes:									

Downloadから各種ファイルをダウンロード可能です。

例:「…_Report.txt」というファイルには

各ターゲットの Coverage・total probe数・Median Probe Spacing (bp) の情報が含まれています。

1)-5. 繰り返しで載せたい場合は、#Repsに繰り返しの数を入力し、Apply Changesをクリックします。5回以上の繰り返しの場合は、レプリケートプローブとして認識され、Agilent フィーチャーエクストラクションで QC メトリック計算が可能です。

2) Select Probes from SNPを選択した場合 (SNP からプローブを選択)

SureDesign		Help - Select probes from SNP
CGH (Advanced) Select probes from SNP	Define Targets	
Define Design Add/Review Content Select HD probes Select probes from SNP Select probes from SNP Upload probes Tile Genes or Regions Finalize Select S	SNP Probes: ProbeGroup Name: Chromosomes chr1 chr2 chr3 chr4 chr5 chr6 chr7 chr6 chr7 chr8 chr9 chr10 chr11 chr12	Genomic_SNP_15k • test7_1 • chr15 • chr16 • chr17 • chr18 • chr19 • chr20 • chr21 • chr22 • chr21 • chr22 • chrX •
# CtrL Probes: 6700 # Norm. 5032 Probes: 5000 # Dan Brohes: 5000	chr13	Deselect All Select All
		Cancel Back Begin Probe Selection

- 2)-1. 下記各項目を設定し、Begin Probe Selectionをクリックします。
- SNP Probes: 既存のSNPプローブグループを選択します。(設定しているマイクロアレイの フォーマットにより表示される内容が異なります)
 - Genomic_SNP_15K
 - Genomic_SNP_30K
 - Genomic_SNP_60K
 - Genomic_SNP_100K*

*1SNPあたり2プローブが配置されているものも含まれています。

- ProbeGroup name: これから作成するProbeGroupの名前を入力します。
- Chromosome: SNPプローブを含める染色体を設定します。CGHプローブも配置した染色 体から選択してください。

2)-2. 最初の画面にもどります。Probegroup Summaryに新しく作成したProbe Groupが表示されます。作成が完了されるまでは Processingという表記になっていますが、Probe Groupの作成が完了するとメールが届きます。

SureDesign										Help - Add/Review Content
CGH (Advanced)	Add/Review Content	•								
Define Design Add/Review Conte Select HD probe Select probes fri Select Existing F Upload probes Tile Genes or Re Finalize 	nt s am SNP Irobes gions	Select Content Add Select Probes 1 Select probes 1 Select probes 1 Select all probes Upload probes Design new pri - 0r -	ition Method from Agilent I from SNP from an existi	fligh Definition I ng Design or Pn genes or region	Database obegroup s	v				
CGH Array Design Name: Species:	test7 H. sapiens	Probegroup Summary	sign							Apply Changes 🔁
Format: Probes	2 × 400 K	Name test7_1	# Largets Processing	larget Size	# Probes	Туре		Properties	# Reps	Actions
# SNP Probes: # Ctrl. Probes:	NA 6700	Human_CGH_1k_Ag			1000	CGH CGH	•		5	Remove
# Norm. Probes: # Rep. Probes: % Filled:	5000 3.98%				<u>.</u>					1
	UCSC View Download							Close Design	Wizard	Back Next

2)-3. 繰り返しで載せたい場合は、#Repsに繰り返しの数を入力し、Apply Changesをクリックします。5回以上の繰り返しの場合は、レプリケートプローブとして認識され、Agilent フィーチャーエクストラクションで QC メトリック計算が可能です。

3) -A. Select probes from an existing Design or Probegroupを選択した場合 (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):

・ Select all probes (プローブグループ内のすべてのプローブを選択)の場合

ureDesign									Help - Seleot Probe Source
GH (Advanced)		Select P	robe Sou	rce					
Define Design		~ .	sian () Pr	obearoup					
Add/Review Conter	* 3)-A	-2 -Works	pace: Ag	ilent Catalog	•	* Fol	der: Agilent	Catalog	า
Select HD pr	obes	Deriv Co			_		-	-	•
Select probe	s from SNP	Prope Sol	Dester ID	News	Enantes	Catalan	Frank	Countries Datas	Constant Ru
Upload prob	3)-A	-3	Design ID	Name	opecies	category	Pormat 8	Creation Date	Aritest Technologie
Tile Genes o	r Regions		041149	Agitent-042477	n. sapiens	CGN	0 X 00 K	01-Aug-2012	Agitent Technologies
Finalize	-		0122177	Agricii: 012217	n. sapiens	con cup	TX 100 K	23-301-2012	Agrient Teonnologies
			042300	Agilent-042300	H. sapiens	CGH+SNP	4 x 180 K	24-Jul-2012	Agilent Technologies 🚍
			036465	SurePrint G3 CGH plu	H. sapiens	CGH+SNP	4 x 180 K	11-Sep-2011	Agilent Technologies
CGH Array Design			035689	SurePrint G3 CGH Po:	H. sapiens	CGH	4 x 180 K	27-Jul-2011	Agilent Technologies
Name:	test7		033872	SurePrint G3 CGH plu	H. sapiens	CGH+SNP	2 × 400 K	22-Apr-2011	Agilent Technologies
Species:	H. sapiens		031750	ISCA CGH 105K v2	H. sapiens	CGH	2 X 105K	16-Dec-2010	Agilent Technologies
Format:	2 × 400 K		031748	ISCA CGH 180K v2	H. sapiens	CGH	4 x 180 K	16-Dec-2010	Agilent Technologies
Probes			031747	ISCA CGH 44K v2	H. sapiens	CGH	4 X 44K	16-Dec-2010	Agilent Technologies
# CGH Probes:	NA		031746	ISCA CGH 60K v2	H. sapiens	CGH	8 × 60 K	16-Deo-2010	Agilent Technologies
# SNP Probes:	3516		031283	SurePrint G3 CGH plu	H. sapiens	CGH+SNP	2 × 400 K	23-Nov-2010	Agilent Technologies
# Ctrl. Probes:	6700		030587	CCMC CGH plus SNP	H. sapiens	CGH+SNP	4 x 180 K	07-0ct-2010	Agilent Technologies
# Norm. Probes: # Rep. Probes:	5052		029830	SurePrint G3 Human	H. saniens	CGH+SNP	4 x 180 K	27-Aug-2010	Agilent Technologies
% Filled:	4.82%		028081	SuraPrint G3 Horney	H conienc	COHLSNP	2 ~ 400 ×	04. http://010	Anilant Tachaologia
			020001	Surerinic GS Human	n. septens	Carreshe	2 X 400 K	44 4 2010	Agrient reunfologies
	UCSC View Down	load	02/065	SurePrint G3 Rat CG	R. norvegicus	CGH	1×1M	: 16-Mar-2010	Agrient Lechnologies

3)-A-1. DesignかProbegroupを選択します。

- Design: 既存デザインに含まれるプローブグループを使用するときに、デザインを選択
- Probegroup: 既存プローブグループを選択

3)-A-2. WorkgroupおよびFolderを選択します。

Workgroup

- Agilent Catalog: アジレントカタログマイクロアレイデザインもしくはアジレントカタロ グマイクロアレイのプローブグループから選択
- My Workgroup: 自分で作成したもの(デザインもしくはプローブグループが存在するフォ ルダを右のFolderで選択します。右の Select をクリックして選択可能)

3)-A-3. ProbegroupもしくはDesignを選択します。

3)-A-4. Next をクリックします。

3)-A-5. 最初の画面にもどります。Probegroup Summaryに新しく作成したProbe Group (3)-A-1でDesignを選択した場合は、そのデザインに含まれるProbe Group)が表示されま す。

SureDesign											Help - Add/Reviev	w Content
CGH (Advanced)	Add/Review	Content										
Define Design Add/Review Contri Select HD probs Select Existing Upload probes Tile Genes or R 	ent es rom SNP Probes Jegions	*	Select Content Add Select Probes Select probes Select probes Select all pr Upload probes Design new pr or - Finalize this d	ition Method from Agilent from SNP from an exis obes obes by tiling csign	High Definition ting Design or P	n Database Irobegroup	·					
CGH Array Design Name: Species:	test7 H. sapiens		Probegroup Summary								Apply Changes	2
Format:	2 x 400 K		Name	# Targets	Target Size	# Probes	Туре		Properties	# Reps	Actions	
Probes	146506		test7_1			3516	SNP			1	Remove	_
# SNP Probes: # Ctrl. Probes: # Norm. Probes:	3516 6700 5032		ISCA CGH 180K bao			125061 21445	CGH CGH	•	n r f	1	Remove Remove	
# Rep. Probes: % Filled:	5000 39.68%		Human_CGH_1k_Ag			1000	CGH	•	■N ØR ■F	5	Remove	
	UCSC View	Download	Human_CGH_5k_Ag			5032	CGH	•	🛛 N 🗆 R 🗖 F	1	Remove	-
									Close Desi	gn Wizard	Back	Next

3)-A-6. 繰り返しで載せたい場合は、#Repsに繰り返しの数を入力し、Apply Changesをクリックします。5回以上の繰り返しの場合は、レプリケートプローブとして認識され、Agilentフィーチャーエクストラクションで QC メトリック計算が可能です。

- 3) -B. Select probes from an existing Design or Probegroupを選択した場合 (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):
 - Probes from Probe ID (既存プローブグループ内のからProbe IDで選択) の場合

SureDesign							Help - Select Probe Source
CGH (Advanced) Select Existing Propes	Select Probe Sou	rce					
Define Design Add/Review Content Select HD probes 3)-B-2 ²	Desian O Pro Workspace: Age	ilent Catalog	٠	* Fold	der: Agilent	Catalog	כ
Select Existing Probes	Select Destan ID	Name	Species	Category	Format	Creation Date	 Created By
Upload probes 3)-B-3 Tile Genes or Regions	042477	Agilent-042477 Agilent-042249	H. sapiens	CGH CGH	8 x 60 K 4 x 180 K	01-Aug-2012 25-Jul-2012	Agilent Technologies
Finalize	042300	Agilent-042300	H. sapiens	CGH+SNP	4 x 180 K	24-Jul-2012	Agilent Technologies E
CGH Array Design	035689	SurePrint G3 CGH Po	H. sapiens	CGH	4 x 180 K	27-Jul-2011	Agilent Technologies
Name: test7 Species: H. sapiens	033872	SurePrint G3 CGH plu ISCA CGH 105K v2	H. sapiens H. sapiens	CGH+SNP CGH	2 x 400 K 2 X 105K	22-Apr-2011 16-Dec-2010	Agilent Technologies Agilent Technologies
Format: 2 x 400 K Probes	031748	ISCA CGH 180K v2 ISCA CGH 44K v2	H. sapiens H. sapiens	СGН СGН	4 x 180 K 4 X 44K	16-Dec-2010 16-Dec-2010	Agilent Technologies Agilent Technologies
# CGH Probes: NA # SNP Probes: 3516	031746	ISCA CGH 60K v2	H. sapiens	CGH	8 x 60 K	16-Dec-2010	Agilent Technologies
# Ctrl. Probes: 6700 # Norm. Probes: 5032	030587	CCMC CGH plus SNP	H. sapiens	CGH+SNP	4 x 180 K	07-0ct-2010	Agilent Technologies
# Rep. Probes: 5000 % Filled: 4.82%	029830	SurePrint G3 Human SurePrint G3 Human	H. sapiens H. sapiens	CGH+SNP CGH+SNP	4 × 180 K 2 × 400 K	27-Aug-2010 04-Jun-2010	Agilent Technologies Agilent Technologies
UCSC View Download	027065	SurePrint G3 Rat CGI	R. norvegiou	CGH	1x1M	16-Mar-2010	Agilent Technologies

- 3)-B-1. DesignかProbegroupを選択します。
- Design: 既存デザインに含まれるプローブグループを使用するときに、デザインを選択
- Probegroup: 既存プローブグループを選択

3)-B-2. WorkgroupおよびFolderを選択します。

Workgroup

- Agilent Catalog: アジレントカタログマイクロアレイデザインもしくはアジレントカタロ グマイクロアレイのプローブグループから選択
- My Workgroup: 自分で作成したもの(デザインもしくはプローブグループが存在するフォ ルダを右のFolderで選択します。右の Select をクリックして選択可能)
- 3)-B-3. ProbegroupもしくはDesignを選択します。
- 3)-B-4. Next をクリックします。

3)-B-5. Probe ID を入力します。もしくは UploadによりProbe IDをファイルでアップロード することも可能です。形式は Exampleを参照してください。入力が完了したら、右下のNext をクリックします。

ureDesign			Help - Select probes by Probe
CGH (Advanced)	Select Existing Prob	es Select probes by probe ID	
Define Design		✓ Probe IDs:	
Add/Review Co	ntent	✓ # Enter Probe IDs	Upload
Select H	D probes	AM_617755_000001	
Calanta a	mbas farm CND	AM_617755_000002	Example
sevent pr	robes from site	AM_617755_000003	
Select t	Existing Probes	AM_617755_000004	
Upload p	robes	AM_617755_000005	
Tile Gen	es or Regions	AM_617755_000006	
Finalize		AM_617755_000007	
		AM_617755_000008	
		AM_617755_000009	
CGH Array Dector		AM_617755_000010	
containey ocaign		AM_617755_000011	
Name:	test7	AM_617735_000012	
Species:	H. sapiens	AM_017755_000013	
Format:	2 × 400 K	AM 617755_000015	
Probes		AM 617755 000016	
# CGH Probes:	146506	AM_617755_000017	
# SNP Probes:	3516		
# Ctrd Roohar:	6700		
#Norm Probes:	5032		
# Rep. Probes:	5000		
% Filled-	19 695		
and the second	and seven		Clear
	UCSC View Down	oad	
			Canoel Back Next

3)-B-6. 新たに作成するProbe Groupの名前を入力します。右下のPick Probesをクリックします。

ureDesign		Help - Select probes by Prob
GH (Advanced)	Select Existing Probes	Select probes by probe ID
Define Design Add/Review Conte	ent V	* Probegroup Name: est7_2
Select HD p	probes	Target Summary
Select prob	es from SNP	 12 Probe IDs entered.
Select Ext	sting Probes	
Upload pro	bes	
Tile Genes	or Regions	
Finalize		
CGH Array Design		
Name:	test7	
Species:	H. sapiens	
Format:	2 x 400 K	
Probes		
# CGH Probes:	146506	
# SNP Probes:	3516	
# Ctrl. Probes:	6700	
# Norm. Probes:	5032	
# Rep. Probes:	5000	
% Filled:	39.68%	
	UCSC View Download	
		Cancel Bac Pick Probes

3)-B-7. 最初の画面にもどります。Probegroup Summaryに新しく作成したProbe Groupが 表示されます。作成が完了されるまでは Processingという表記になっていますが、Probe Groupの作成が完了するとメールが届きます。

ureDesign								Hel	p - Add/Review Cor
CGH (Advanced)	Add/Review Content	•							
Define Design Add/Review C Select HD pr Select probe Select Exist Upload prob Tile Genes of Finalize	Content robes ss from SNP ing Probes ses in Regions	Select Content A Select Probe Select probe	Idition Meth s from Agile s from SNP s from an ex robes es probes by ti	od nt High Defin cisting Design ling genes or	ition Datab n or Probeg	ase troup			
CGH Array Design	n		design						
Name:	testtesttest	Probegroup Summ	ary					4	Apply Changes
Species:	H. sapiens						-	_	
Format:	2 X 400 K	Name	# Targets	Target Size	# Probes	туре	Properties	# Reps	Actions
Probes		testtesttest_2	Processing						
# CGH Probes:	NA	Human_CGH_1k_			1000	ССН 💌		5	Remove
The second	NA								
# Ctrl Probes:	6700	HUMBER COLLER			5032	CGH 💌		1	Remove
# CtrL Probes: # Norm. Probes:	6700 5032	numan_con_sk_							
# Ctrl. Probes: # Norm. Probes: # Den Drohes:	6700 5032 8000	Numai_Con_sk_							
# Ctrl. Probes: # Norm. Probes: # Den Drobes:	6700 5032 Bonn UCSC View Download	numaii_con_sk_							

3)-B-8. 繰り返しで載せたい場合は、#Repsに繰り返しの数を入力し、Apply Changesをクリックします。5回以上の繰り返しの場合は、レプリケートプローブとして認識され、Agilentフィーチャーエクストラクションで QC メトリック計算が可能です。

4) Upload probes (プローブのアップロード)を選択した場合

4)-1. Probegroup Nameに、新しく作成するプローブグループの名前を入力します。

4)-2. File Nameの右の Browseボタンをクリックし、アップロードするプローブのファイルを 選択します。アップロードするプローブのファイルの形式は 2-Columnか6-Columnの内容です。 Templateのボタンをクリックし内容を参照してください。(アップロードするファイルはzipし てください)

4)-3. Probe Parameterを選択します。

Probe Precedence (プローブIDが一致するプローブの優先順位) Reuse Existing :同じIDを持つプローブが既存の場合、アノテーションは既存のものを 保持(配列は上書きされません) Overwrite:同じIDを持つプローブが既存の場合、アノテーションはアップロードされた 情報で上書き(配列は上書きされません)

4)-4. 上記内容を設定後、右下のNextをクリックします。

GH (Advanced)	Add/Review Content	Upload Probes	
Define Design Add/Review Cont Select HD Select prol Select Exis	ent of probes bes from SNP tripp Probes robes robes robes robes robes constructions between the source Reviews	*rodegroup Details *rodegroup Details File Name: Templetes: 2 Column 4-Column Species: N. suppose	
Finalize	o regora	Probe Parameters Probe Precedence: Reuse Existing	
CGH Array Design Name: Species: Format:	test7 H. sapiens 2 × 400 K	0 verwite	
Probes # CGH Probes: # SNP Probes: # Ctrl. Probes:	146518 3516 6700		
# Norm. Probes: # Rep. Probes: % Filled:	5032 5000 39.68%		
	UCSC View Download		

4)-5. 最初の画面にもどります。Probegroup Summaryに新しく作成したProbe Groupが表示されます。作成が完了されるまでは Processingという表記になっていますが、Probe Groupの作成が完了するとメールが届きます。

							не	lp - Add/Review (Conter
GH (Advanced)	Add/Review Content								
Define Design		Select Content Ad	idition Method -						
Add/Review 0	Content	Select Probe	s from Agilent Hi	gh Definition Datab	ase				
Select HD p	robes	 Select probe 	s from SNP						
Select prob	es from SNP	 Select probe 	s from an existi	ng Design or Probe	group				
Select Exist	ing Probes								
Upload prol	bes								
Tile Genes o	or Regions	 Upload prob 	es						
Finalize		 Design new 	probes by tiling	genes or regions					
		- 0r -							
		 Finalize this 	design						
CGH Array Desig	n								
CGH Array Design	n testtesttest	Probegroup Summa	ary					Apply Changes	2
CGH Array Design Name: Species:	n testtest H. sapiens	Probegroup Summa	ary					Apply Changes	8
CGH Array Desig Name: Species: Format:	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K	Probegroup Summa	ary # Targets Tar	get Siz(# Probes	Туре	Properties	# Reps	Apply Changes	2
CGH Array Desig Name: Species: Format: Probes	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K	Probegroup Summa Name testtesttest_2	# Targets Tar Processing	get Siz(# Probes	Туре	Properties	# Reps	Apply Changes	8
CGH Array Desig Name: Species: Format: Probes # CGH Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 x 400 K NA	Probegroup Summa Name testtesttest_2 Human COH 1K J	# Targets Tar Processing	get Siz(# Probes	Туре	Properties	# Reps	Apply Changes Actions	8
CGH Array Desig Name: Species: Format: Probes # CGH Probes: # SNP Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 x 400 K NA NA	Probegroup Summa Name testtesttest_2 Human_COH_1K_A	# Targets Tar Processing	get Siz(# Probes	Туре	Properties	# Reps	Apply Changes Actions Remove	8
CGH Array Desig Name: Species: Format: Probes # CGH Probes: # SNP Probes: # CTL Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K NA NA 6700	Probegroup Summa Name testtesttest_2 Human_COH_1K_ Human_COH_5K_	# Targets Tar Processing	get Siz(# Probes 1000 5032	Туре Сон Сон	Properties	# Reps	Apply Changes Actions Remove Remove	2
CGH Array Desig Name: Species: Format: Probes # CGH Probes: # SNP Probes: # CHL Probes: # Norm. Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K NA NA 6700 5032	Probegroup Summa Name testtesttest_2 Human_COH_1K_/ Human_COH_5K_/	# Targets Tar Processing	get Siz(# Probes 1000 5032	Туре Сон Сон	Properties	# Reps	Apply Changes Actions Remove Remove	2
CGH Array Desig Name: Species: Format: Probes # CGH Probes: # SNP Probes: # Ctrl. Probes: # Norm. Probes: # Son Drohes:	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K NA 6700 5032 Enon	Probegroup Summa Name testtesttest_2 Human_COH_1K_J Human_COH_5K_J	# Targets Tar Processing	get Size # Probes 1000 5032	Туре Сон Сон	Properties	# Reps	Actions Remove Remove	2
CCH Array Desig Name: Species: Format: Probes # CCH Probes: # SNP Probes: # SNP Probes: # Norm. Probes: # Den Droher:	n testtesttest H. spiens 2 x 400 K NA NA 6700 5032 5001 5002 5000	Probegroup Summa Name testtesttest_2 Human_COH_1K_A Human_COH_5K_A	# Targets Tar Processing	get Siz(# Probes 1000 5032	Туре Сон Сон	Properties	# Reps	Actions Remove Remove	8

4)-6. 繰り返しで載せたい場合は、#Repsに繰り返しの数を入力し、Apply Changesをクリックします。5回以上の繰り返しの場合は、レプリケートプローブとして認識され、Agilent ²⁵フィーチャーエクストラクションで QC メトリック計算が可能です。

5) Design new probes by tiling genes or regions を選択した場合 (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)

注意:この新規プローブ作成機能で作られたプローブは、Agilent高解像度データベースのプローブ(p.14)や既存カタログアレイ上のプローブ(p.20)よりもパフォーマンスが低いことが多いため、Agilent高解像度データベースなどにプローブがない場合にのみお使いください。

5)-1. 下記内容を設定し、右下の Next をクリックします。

 Target: Gene Name・Transcript ID・Gene IDや染色体位置情報*によりターゲットを入 力します。Databasesなどの設定内容に基づき、これらのターゲットをゲノム上にマップ し、定義されたプローブデータベースから、それらの場所に一致するプローブグループが 選択されます。右の Upload ボタンでファイルをアップロードすることも可能です。(* UCSC browserフォーマットかBEDフォーマットで入力)

ファイルをアップロードする場合、ファイルが下記形式であることを確認してください。

- ファイル拡張子は.txt であること
- 1列に1ターゲットを入力すること
- ターゲットは gene symbol、accession、chromosomal coordinates、UCSC browserフォーマット か BED フォーマットであること

☆フォーマットなどについて詳しくは右の Example を参照

- Databases: ターゲットの染色体位置情報を参照するデータベースを選択します。作成する 生物種にあったものを選択してください。
- Include Flanking Regions (5' and 3'): 遺伝子で入力されたターゲットの各エクソン/UTR の近傍領域も含める場合は、その近傍の塩基数を入力(染色体位置情報で入力されたター ゲットに対してはこの近傍領域は考慮されません)
- Allow Synonyms: この項目にチェックした場合は、ターゲットとして入力された遺伝子名 についてSynonymsも参照対象とし、その染色体位置情報をもとにすることがあります。 もし入力した遺伝子名が他の遺伝子のSynonymsにも含まれている場合は、両方をター ゲットとして選択されます。

例:ターゲットにHER2と入力した場合、SureDesignはERBB2に基づき染色体位置情報のマッピングを行います。

5H (Advanced)	Select Probes from Ag	gilent High Definition Database Define Targets	
Define Design	test	Targets:	
Add/Review Col	itent	# Enter gene IDs, gene symbols, or accessions.	
 Select n 	ib probes	# surebesign will map tilese targets to genomic locations E using the parameters below, then celest probes from the Example	
Select pro	obes from SNP	# defined probe source that match the locations	
Select Exi	isting Probes	SMAD4	
Upload pr	obes	NM_005359	
Tile Gene	s or Regions	ENST00000342988	
Finalize		CCD511950	
		4089	
		# Enter UCSC browser or BED coordinates	
CGH Array Design	1	chr18:48573407-48573675	
Name:	testtesttest	chr18 48573406 48573675	
Species:	H. sapiens	Clear	
Format:	$8 \times 60 \text{ K}$	Enter coordinates with identifiers	
Probes		* Databases	
# CGH Probes:	NA	RefSeq	
# SNP Probes:	NA	Ensembl	
# Ctrl. Probes:	5580	CCDS	
# Norm.		✓ oencode	
Probes:	1262	VEGA	
# Dan Drohae	5000	y cytoband	1
	unter sileme Breweler	-	

例:ターゲットにDSPと入力した場合、desmoplakinとdentin sialophosphoproteinの2つの遺伝子として、位置情報をそれぞれターゲット領域として決定。

5)-2.ターゲットとして認識された領域一覧を確認し、右下の Next をクリックします。

Target Summary:

(1列目) Define targetで入力されたターゲットの数 (2列目) SureDesignが認識した染色体位置情報の数。ターゲット が複数の染色体位置にマップされた場合は、Define targetで入力 した数以上の出力があることがあります。

(3列目) SureDesignがデータベースで見つけられなかったター ゲットの数

Define Design		A Careat Summary				
Add (Baviaw Cor	test	12 identifiers enter	red			- 1
Select F Select or	D probes	12 identifiers found 0 identifiers not fo	l. und.			
Select Ex: Upload pr	sting Probes obes	Target Details			View t	argets in U
Tile Gene Finalize	s or Regions	Target ID	# Regions	Base Pairs	Position	
		ADAM17	1	67307	chr2:9628615-9695921	
CCH A reav Design		ADAMTS1	1	9123	chr21:28208606-28217728	
con array besign		ADAMTS10	1	30497	chr 19:8645124-8675620	
Species:	H. sapiens	ADAR61	1	152711	chr21:46493768-46646478	
Format:	8 × 60 K	ADCK3	1	90010	chr1:227085237-227175246	
Probes		ADH7	1	23477	chr4:100333418-100356894	
# CGH Probes:	NA	ADSL	1	43964	chr 22:40742504-40786467	
# SNP Probes:	NA	AFF2	1	500055	chrX:147582139-148082193	
# Ctrl. Probes:	5580	AFF3	1	595486	chr2:100163716-100759201	
# Norm.	1262	AGAP1	1	637712	chr2:236402733-237040444	
# Dan Drobet:	5000	AGBL4	1	1491100	chr 1:48998527-50489626	
		AGGF1	1	35984	chr 5:76325076-76361059	

Download をクリックすると、ターゲット領域情報の詳細など各種ファイルをダウンロードできます。

5)-3. Probegroup Nameに、新しく作成するProbe Groupの名前を入力します。

5)-4. Selection Parameterの下記項目を設定します。

- Probe Length: 作成するプローブ長(デフォルトは60 mer)
- Selection
 - Average Probe Spacing (bp): 平均プローブ間距離。最小設定値は150bpです。
 - Number of Probes per Region: 各ターゲットの最大プローブ数
 - Total Number of Region: ターゲットの全プローブ数
- Avoid Standard Masked Region: (標準的な繰り返しゲノム領域のプローブを排除) Repeat Masker とWindows Masker Masking Tools でマスクされる領域を排除します。
- Avoid Restriction Sites: AluI, RsaI制限酵素認識部位を避けます。
- Allow Probes to be Trimmed: プローブのトリミングを許可。入力したTm値により近づけるために45bpより長いプローブに関して最小45塩基まで短くします。(Probe Lengthが45bpより短く設定されている場合は、チェックボックスを選択していてもこの機能は働きません。
- Preferred probe Tm

5)-5. 入力が完了したら、右下の Begin Probe Selectionをクリックします。

B		
3H (Advanced)	Tile Genes or Regions	Define Parameters
Define Design Add/Review Conte Select HD p Select Exist Upload prot > Tile Genes Finalize	vnt w vrobes ing Probes ies s or Regions	* Probegroup Name: Selection Parameters * Probe Length: 60 * Selection: Average Probe Spacing (bp) Number of Probes per Region Total Number of Probes 0
		Avoid Standard Masked Regions: 🗹
Vanne: Species: Format: Probes # CGH Probes: # Corl. Probes: # Norm. Probes: # Rep. Probes: \$ Filled:	tesitesitesitesi H. sapiens 8 x 60 K NA 1886 1282 5000 16.11%	Allow Probes to be Trimmed: Preferred probe Tm: 0.0 C
	UCSC View Download	Cancel Back Back Begin Probe Selection

5)-6. 最初の画面にもどります。Probegroup Summaryに新しく作成したProbe Groupが表示されます。作成が完了されるまでは Processingという表記になっていますが、Probe Groupの作成が完了するとメールが届きます。

Define Design	×	Select Content Ad	dition Method						
Add/Review 0	Content	Select Probe	s from Agilent High I	Definition Data	oase				
Select HD pr	robes	Select probes from SNP							
Select prob	es from SNP	 Select probes from an existing Design or Probegroup 							
Select Exist	ing Probes		Select all probes						
Upload prot	bes								
Tile Genes o	or Regions	 Upload prob 	es						
Finalize		 Design new 	probes by tiling gene	es or regions					
		- 0r -							
		O Finalize this	design						
			-						
CGH Array Desig	n								
CGH Array Design Name:	n testtesttest	Probegroup Summ	ary					nalu Channar	
CGH Array Design Name: Species:	n testtesttest H. sapiens	Probegroup Summ	ary				Ą	pply Changes]
CGH Array Design Name: Species: Format:	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K	Probegroup Summ	ary # Targets Target	Siz: # Probes	Туре	Properties	A; # Reps	pply Changes Actions]
CGH Array Design Name: Species: Format: Probes	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K	Probegroup Summ	# Targets Target Processing	Siz: # Probes	Туре	Properties	A; # Reps	oply Changes]
CGH Array Design Name: Species: Format: Probes # CGH Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 x 400 K NA	Probegroup Summ Name testtesttest_2	# Targets Target Processing	Siz # Probes	Туре	Properties	4 # Reps	oply Changes Actions]
CGH Array Design Name: Species: Format: Probes # CGH Probes: # SNP Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 x 400 K NA NA	Probegroup Summ Name testtesttest_2 Human_CGH_1k_	# Targets Target Processing	Size # Probes	Type CGH •	Properties	A; # Reps	Actions Remove]
CGH Array Design Name: Species: Pormat: Probes # CGH Probes: # SNP Probes: # Ctrl. Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K NA NA 6700	Probegroup Summ. Name testtesttest_2 Human_CGH_1k_ Human_CGH 5k /	# Targets Target Processing	Siz # Probes	Туре СGH •	Properties	# Reps	Actions Remove]
CGH Array Design Name: Species: Format: Probes # CGH Probes: # SNP Probes: # Ctrl. Probes: # Norm.	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K NA NA 6700	Probegroup Summ Name testtesttest_2 Human_CGH_1k_ Human_CGH_5k_	# Targets Target Processing	5032	Туре СGH • СGH •	Properties	4 Reps	Actions Remove Remove	
CGH Array Design Name: Species: Format: Probes # CGH Probes: # CGH Probes: # CTL Probes: # CTL Probes: # Norm. Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K NA NA 6700 5032	Probegroup Summ. Name testtesttest_2 Human_CGH_1k_ Human_CGH_5k_	# Targets Target Processing	Size # Probes	Туре СGH • СGH •	Properties	# Reps	Actions Remove Remove	
CCH Array Design Name: Species: Format: Probes # CGH Probes: # CHP Probes: # CtrL Probes: # CtrL Probes: # Norm. Probes:	n testtesttest H. sapiens 2 × 400 K NA NA 6700 5032	Probegroup Summ Name testtesttest_2 Human_CGH_1k_ Human_CGH_5k_	# Targets Target Processing	5032 # Probes	Туре СGH • СGH •	Properties	4 # Reps 5	Actions Actions Remove Remove	

5)-7. 繰り返しで載せたい場合は、#Repsに繰り返しの数を入力し、Apply Changesをクリックします。5回以上の繰り返しの場合は、レプリケートプローブとして認識され、Agilent フィーチャーエクストラクションで QC メトリック計算が可能です。

作成したデザインのFinalize

デザインをファイナライズすることができます。ファイナライズすると、次のとおりとなりま す。

- デザインを変更できなくなります。
- デザイン ID が割り当てられます。
- デザイン情報がアジレントの製造設備に送信されます。製造作業は、正式に発注されるまで開始されません。

(Home画面の Designs: In ProgressのリストにあるデザインのContinueボタン 🙀 をクリックします。)

SureDesign Arme Contract Find Designs	Create Designs
Start Designing	
Designs: In Progress Test_Yuko4 CGH Updated 09-Feb-2014 HOSearch (Complete)	Draft 🗶 🕞

Finalize this designを選択してNextをクリックします。

SureDesign							He	p - Add/Review Content
CGH (Advanced) Add/Review Content								
Define Design 🖋	Select Content Ad Select Probe Select probe Select probe Upload probe Design new Finalize this	Idition Metho s from Agiler s from SNP s from an ex robes probes by til design	nt High Defin tisting Design	ition Datai	group			
CGH Array Design Name: testtesttest Species: H sanians	Probegroup Summa	iry						Apply Changes 🛃
Format: 2 x 400 K	Name	# Targets	Target Size	# Probes	Туре	Properties	# Reps	Actions
Probes # COH Probes: NA # SNP Probes: NA # CtrL Probes: 6700 # Norm.	testtesttest_2 Human_CGH_1k_4 Human_CGH_5k_4	Processing		1000 5032	CGH V	■ N ✓ R ■ F	5	Remove Remove
5032 Probes: #0en Drohes: #0en UCSC View Download								
						Close Design W	izard	Back Next

1. Finalize

下記内容を設定したあと、右下の Finalize Designをクリックします。

Define Design		
Add/Review Cont	ent	Y rou are now ready to making this design. After making:
Select HD	probes	The design can no longer be modified.
Select Exis	sting Probes	 A design iu will be assigned. Design information will be sent to Agilent's manufacturing facility. Manufacturing will not begin until you have submitted a
Upload pro	obes	purchase order.
Tile Genes	or Regions	
Finalize		Linker Details
CGH Array Design		Linker Length Linker Sequence
Name:	testtesttesttesttest	Make probes of length FO Ise Agilent ATAACCGACGCCTAA
Species:	H. sapiens	
Format:	8 × 60 K	Add linker of length Use Custom
Probes		
# CGH Probes:	14411	
# Ctrl. Probes:	3886	
# Norm. Probes:	1262	
# Rep. Probes:	5000	

• Append linker to 3' end (リンカーを 3' 末端に付けます)

リンカー付加をONにした場合、下記を設定します。

- Linker Length (リンカー長) 全プローブ長 60merを推奨 (プローブデータベースか らプローブを選択した際は不要です)
 - Make probes of length (リンカーを含めたプローブ長)
 - Add linker of length (付加するリンカー長)
- Linker Sequence
 - Use Agilent (Agilentデザインのリンカー)
 - Use Custom (ユーザデザインのリンカー)

2. Design Complete

デザインが完了となりました。statusが Completeとなり、Design ID が発行されます。 Finalize直後ではDownloadからデザインファイルのダウンロードができませんが、しばらくす ると可能になります。

SureDesign		Help - Design Complete
CGH Design Complete		
Name:	Test_Yuko4	*
Design ID:	064344	
Species:	H. sapiens	
Array Format:	2 × 400 K	
Category:	CGH+SNP	
# Target Regions:	37	
Total Target Regions Size:	5.684 Mbp	
Probe Spacing:	201 bp	
CGH Replicates:	10	
# CGH Probes:	210870	
# SNP Probes:	96341	
# Control Probes:	6700	
# Normalization Probes:	5032	
# Replicate Probes:	5000	
# Backbone Probes:	96341	
Percentage Filled:	100.0	
Your design has been saved	in the "Agilent" workgroup folder.	
	Order Mark as Favorite Download UCSC View	
		Exit Design Wizard

ご発注いただく際は、Design ID とスライド枚数を弊社担当営業にお知らせください。

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。