

# HaloPlex カスタムデザイン操作方法（アドバンストオプション）

SureDesign version 7.8（日本語版）

2023/02/01

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。

【最新資料のダウンロードサイト】

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

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

# HaloPlex カスタムデザイン操作方法（アドバンストオプション）

1. HaloPlex カスタムデザイン アドバンストオプションでの作成 --- 3
2. 新規にカスタムデザインを作成する方法 --- 5
  1. 新規にデザインを作成する作業のフロー --- 6
  2. コンテンツ追加メソッド --- 7
    - Step1 サインイン --- 9
    - Step2 デザインの作成 --- 11
    - Step3 プローブ選択 --- 13
    - Step4 コンテンツの追加・確認 --- 39
    - Step5 ファイナライズ --- 52
    - Step6 オーダー（注文） --- 58
3. お問い合わせ先 --- 63

# 1. HaloPlex カスタムデザインアドバンスドオプションでの作成

# 1 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 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、一つのデザインを作成することができます。

HaloPlex HS カスタムデザインは、アドバンスドオプションでの作成を推奨しています。



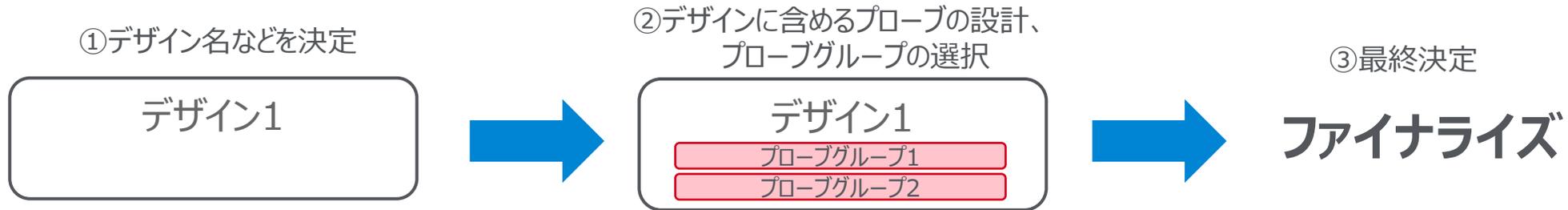
## 2. 新規にカスタムデザインを作成する方法

# 1 新規にデザインを作成する作業のフロー

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【新規にデザイン作成をするフロー】の操作を説明します。

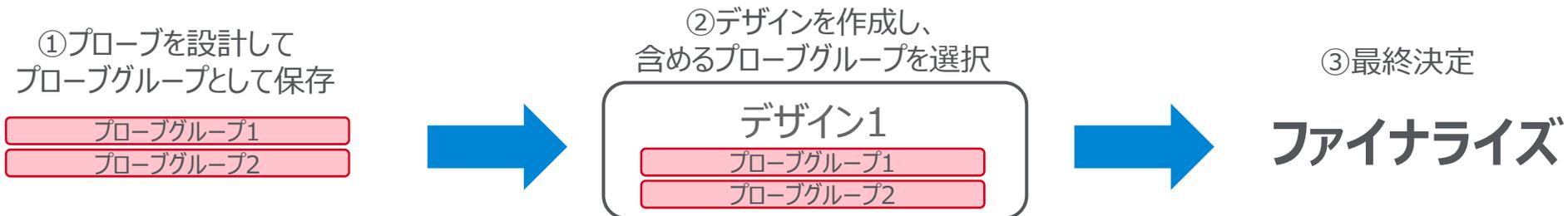
## ● Create Design

まずプローブグループの入れ物であるデザインを作成し、その中でプローブの設計を行う、よりシンプルなフロー



## ● Create Probegroup

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



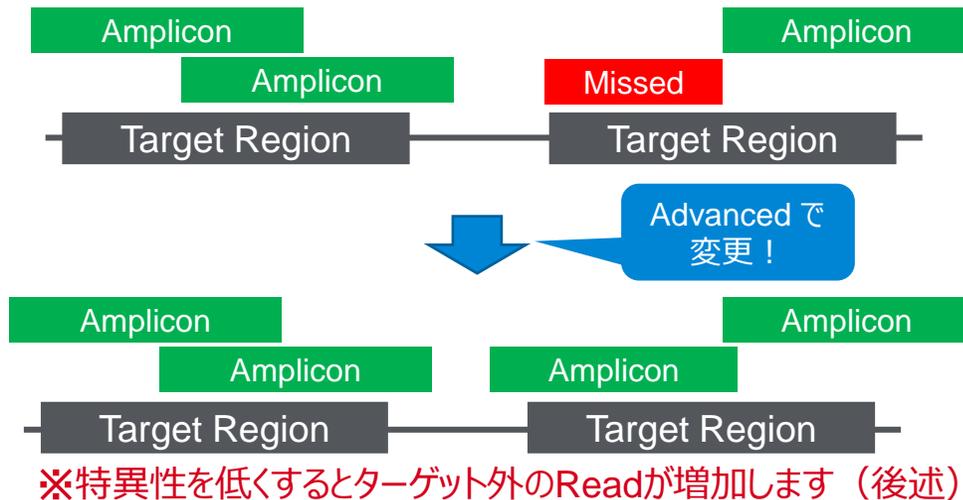
## 2 コンテンツ追加メソッド

例) 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。

### 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したい場合

例1) 標準の手順では、カバーできない領域がある

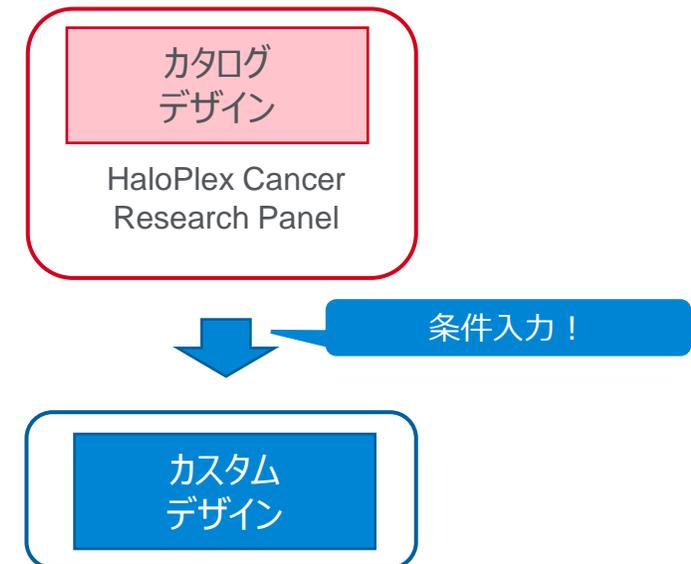


例2) FFPE サンプルから抽出した DNA でも、できるだけ高いカバレッジを得たい

### 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したい場合

例3) HaloPlex Cancer Research Panel から必要な遺伝子だけを抜き出したい



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

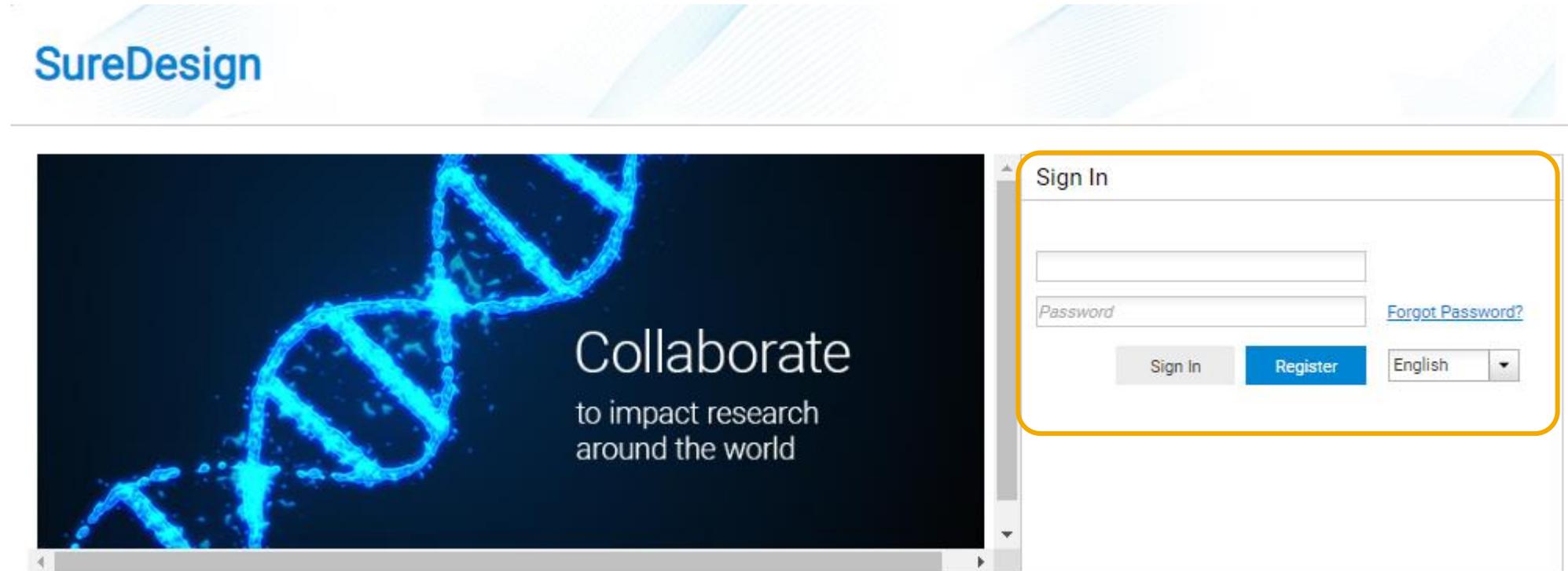
- ✓ HaloPlex HS は、従来の HaloPlex をベースに、DNA ライブラリに分子バーコードを導入することで PCR の Duplication を効果的に排除し、従来の NGS で用いられてきた手法と比較して、低頻度の変異を高い信頼性で検出することを目的とした製品です。**HaloPlex HS と従来の HaloPlex ではプローブの構造や実験プロトコル等が異なり、互換性がありません。**必ずカスタムデザイン作成前に、どちらを使用する予定か確認してからデザイン作成を開始して下さい。
- ✓ HaloPlex HS は、より最適な結果を得るために、SureDesign のアドバンストオプションを用いて“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、アドバンストオプションを使用して下さい。
- ✓ 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、それに応じてシーケンシング量も増やして下さい。

# Step1 サインイン

SureDesign のサインインのコーナーで

- 登録アドレス
- パスワード          を入力し、【サインイン】をクリックしてください。

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。



# Step2 デザインの作成

1. 【アドバンスドオプションの表示】のチェックを入れてください。
2. ホームタブのHaloPlex、もしくはデザイン作成タブの HaloPlex をクリックしてウィザードを開始します。

The image shows two screenshots of the SureDesign web interface. The top screenshot shows the 'Show Advanced Options' checkbox checked, with a yellow box around it and a yellow arrow pointing to it. The bottom screenshot shows the 'Create Designs' dropdown menu open, with 'HaloPlex' highlighted in a blue box and a yellow arrow pointing to it. Both screenshots show the 'Start Designing' section with various design tools like SureSelect DNA, RNA, All-In-One, OneSeq, HaloPlex, CGH, CustomFISH, SureGuide, and SurePrint OLS. The 'Messages (0)' section on the right indicates no messages and lists notification events.

# Step2 デザインの作成

3. ウィザードの選択では【アドバンスド】を選択します。
4. 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】を選択します。
5. 【続行】をクリックします。

The screenshot shows the SureDesign web interface. At the top, there is a navigation bar with 'Home', 'Find Designs', and 'Create Designs' buttons. Below this, a secondary bar shows 'Create Designs' and 'HaloPlex' tabs, a 'Show Advanced Options' checkbox (checked), and links for 'Cart (0)', 'Logout', 'Settings', and 'Help - Create Designs'. The main content area is titled '1. Choose Wizard' and contains two radio button options: 'Standard' and 'Advanced'. The 'Advanced' option is selected and highlighted with a yellow box. Below this, a paragraph explains that the advanced wizard allows creating a design composed of multiple probegroups. The second section is '2. Choose Design or Probegroup', with 'Create Design' selected and highlighted with a yellow box. A paragraph explains that a design is a set of one or more probegroups. The 'Continue' button is highlighted with a yellow box at the bottom right.

SureDesign Help - Define Design

HaloPlex (Advanced) Define Design

Define Design

Add/Review Content

Tile Genes or Regions

Select Existing Probes

Finalize

Design Category:  HaloPlex Next Gen PCR  
 HaloPlex<sup>HS</sup> High sensitivity Next Gen PCR using molecular barcodes

\* Design Name:

\* Species: H. sapiens

\* Build: UCSC hg19, GRCh37, February 2009

\* Create In: Agilent

\* Platform: Illumina

\* Read Length: 100

Description:

Keywords:

プラットフォームとリード長

\* Platform: Illumina

\* Read Length: 100

100

150

250

UCSC View BAM

Download

Cancel

6. どちらかを選択します。
7. 【デザイン名】に任意の名前を入力します。
8. 【生物種】は **H. sapiens** のみです。
9. 【作成先フォルダ】ではこれから作成するデザインを入れるフォルダを選択します。  
【選択】をクリックして、新しくフォルダを作成することもできます。
10. 【プラットフォーム】はイルミナのみです。  
リード長を100 bp、150 bp、250 bpから選択します。
11. 【詳細情報】【キーワード】では、オプションとして文字列を入力できます。
12. 【次へ】をクリックします。

ここで選択するリード長は実際にシーケンシングする際のリード長です。

使用予定の機種・試薬にあわせてリード長を選択します。

デザインとシーケンスのリード長が異なると、期待されるカバー率が得られなくなります  
のでご注意ください。

## Step3 プローブの選択

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場合

➡ **p.14**をご覧ください。

### メソッド 2

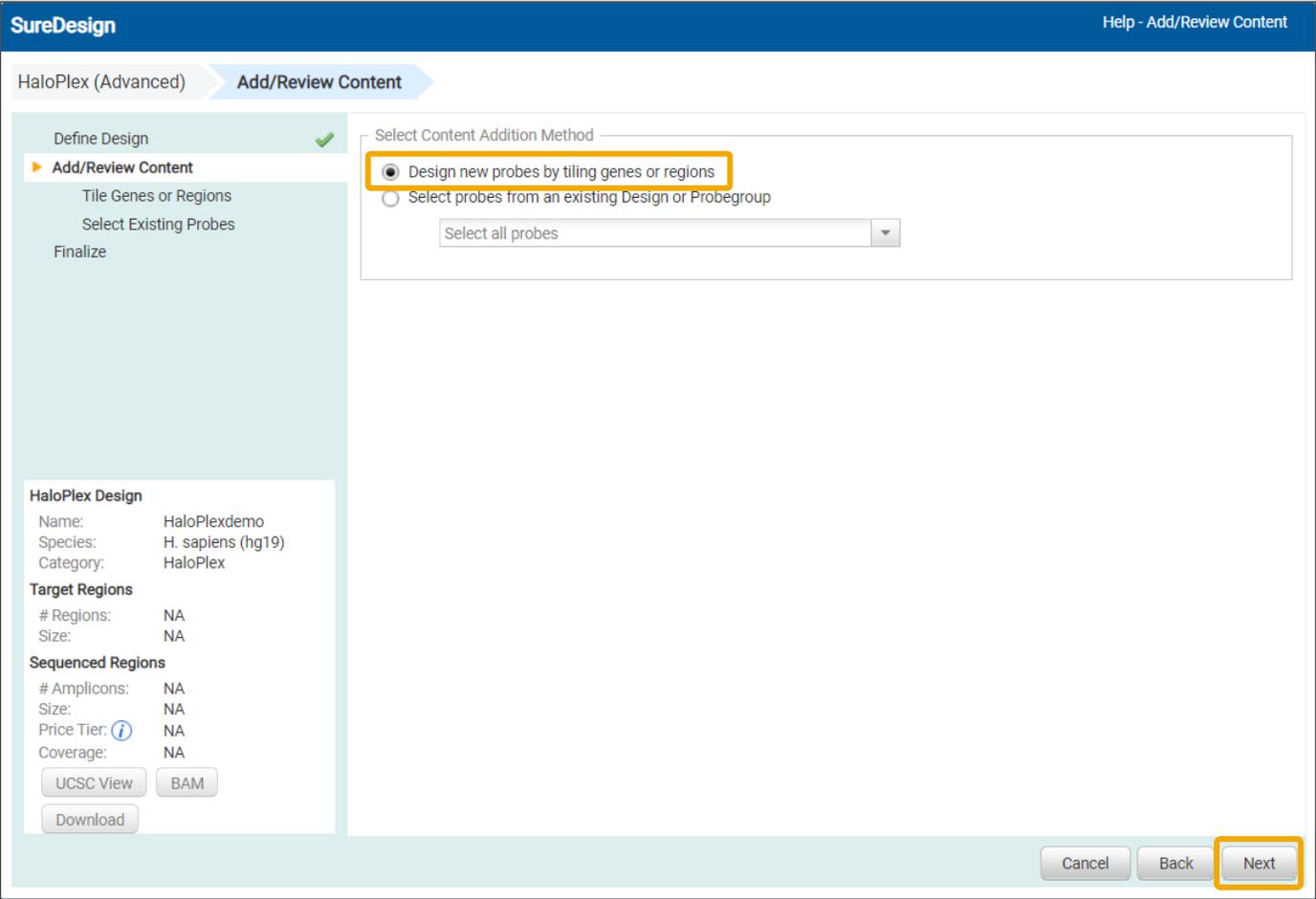
既存のデザインに含まれているプローブから、全ての、もしくは条件に沿ったプローブを抽出して新しいデザインを作成する場合

➡ **p.23**をご覧ください。

# メソッド 1

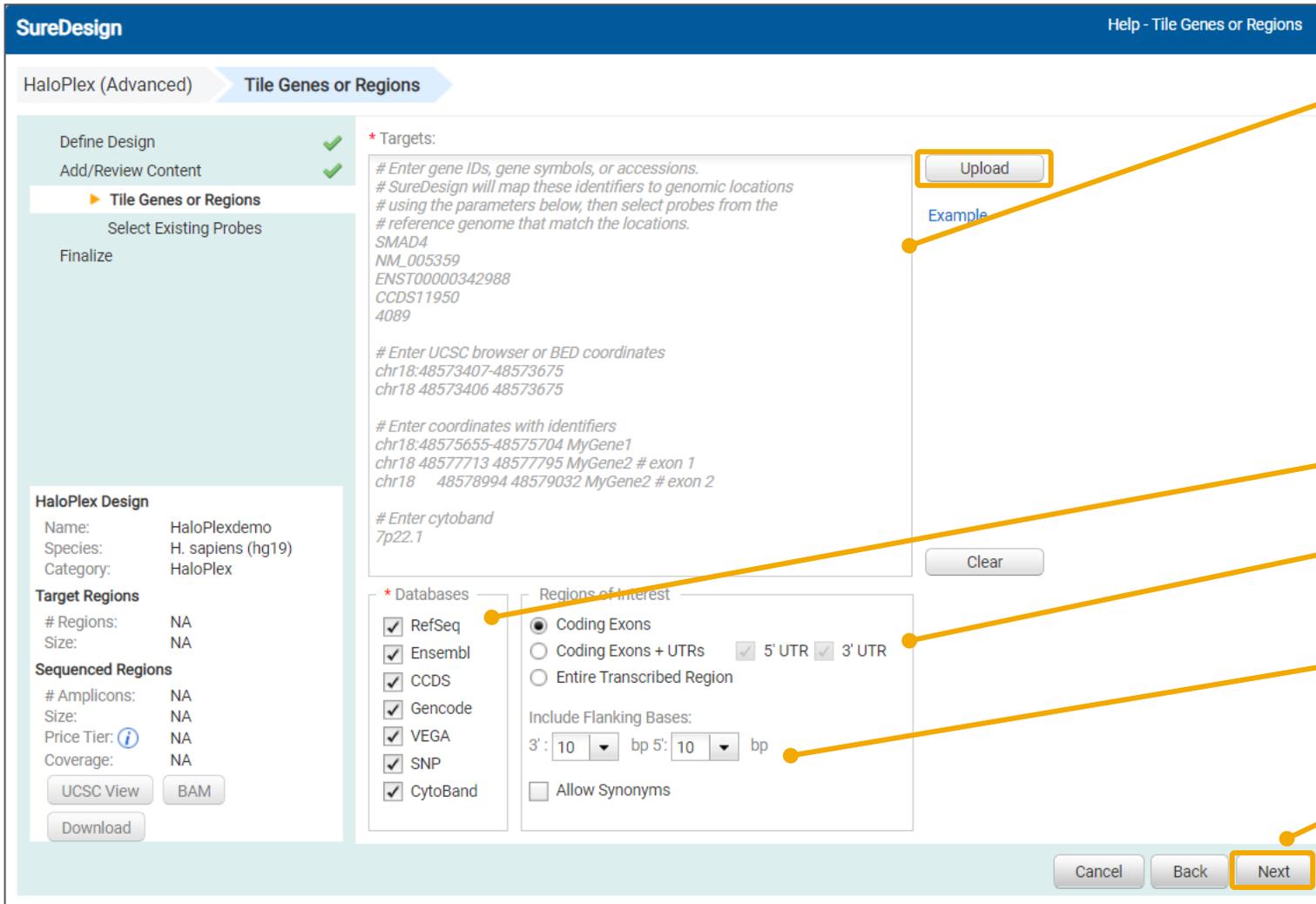
標準の手順では適用できない、FFPE オプションの適用やプローブの特異性の基準の変更を行ってデザインを作成する場合

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】を選択します。
2. 【次へ】ボタンをクリックします。



# 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場合



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。

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。

4. 参照データベースを選択します。

5. どの領域をターゲットとするのかを選択します。

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。

7. 【次へ】をクリックします。

※各項目の詳細や入力方法は、別資料「HaloPlex カスタムデザイン操作方法」をご覧ください。

## 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基準の変更を行ってデザインを作成する場合

**SureDesign** Help - Tile Genes or Regions

HaloPlex (Advanced) **Tile Genes or Regions**

Define Design  Add/Review Content

**Tile Genes or Regions**

Select Existing Probes Finalize

**HaloPlex Design**  
Name: HaloPlexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

**Target Regions**  
# Regions: NA  
Size: NA

**Sequenced Regions**  
# Amplicons: NA  
Size: NA  
Price Tier: NA  
Coverage: NA

UCSC View BAM

**Download**

**Target Summary**

- 14 Target IDs resolved to 10 targets comprising 174 regions.
- 4 Target IDs were not found.

**Target Details** [View targets in UCSC](#)

Target ID	# Regions	Base Pairs	Position
ABL	Not found		
BCL2ALPHA	Not found		
BCL2BETA	Not found		
CRK-II	Not found		
AKT2	16	2104	chr19:40739769-40771184
APC	19	5221	chr5:112043405-112179833
BCL3	9	1605	chr19:45252038-45262882
BCR	24	4421	chr22:23523138-23657719
BRCA1	26	6363	chr17:41197685-41277212
BRCA2	28	10983	chr13:32890588-32972917
CBL	17	3135	chr11:119077118-119177081
CCND1	5	988	chr11:69456072-69466060
CDK4	8	1156	chr12:58142298-58145510
CSE1R	22	3443	chr5:149433622-149466000

Cancel Back **Next**

8. 「見つかりませんでした」と報告され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 であるかを確認します。

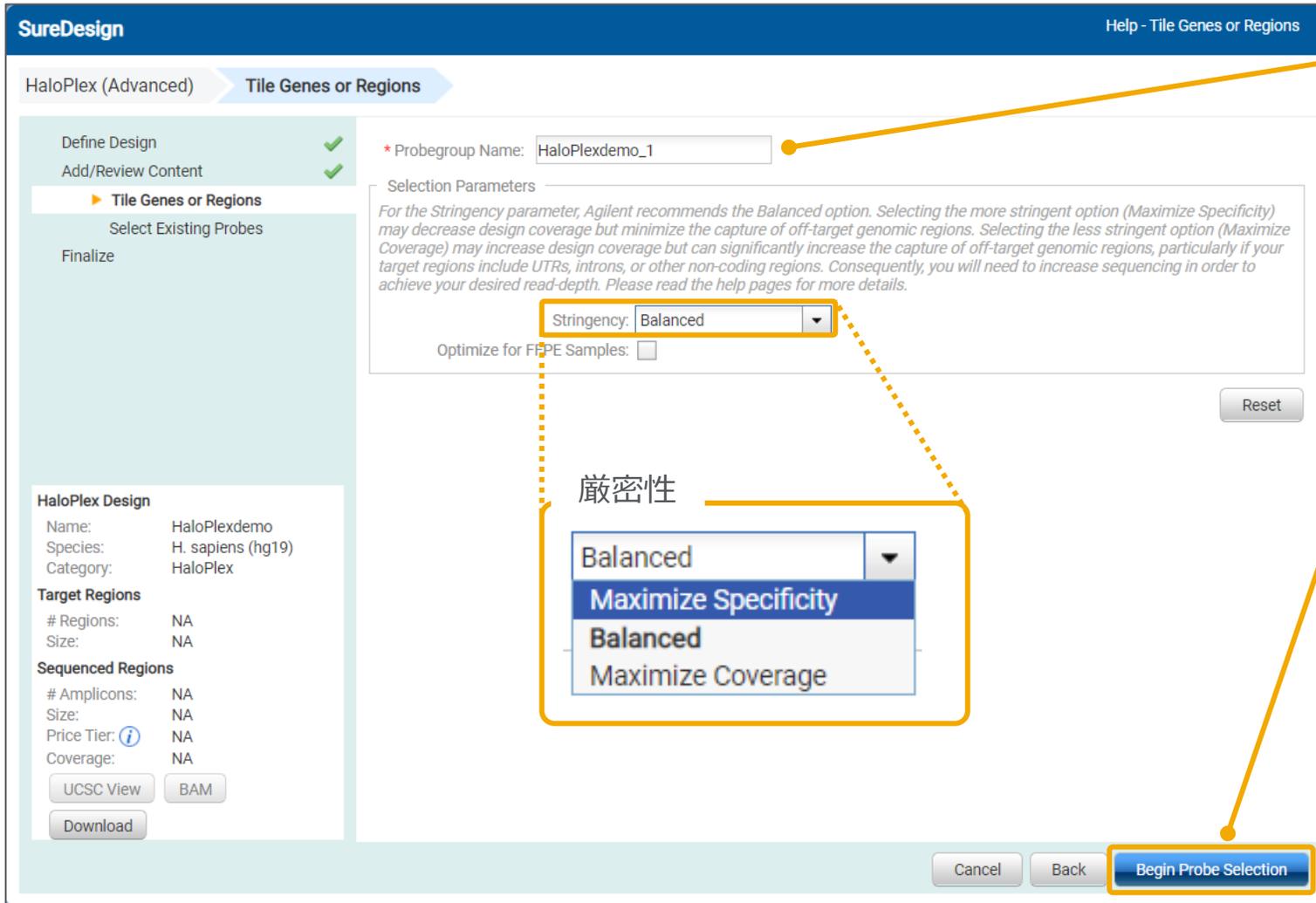
ターゲットが500個以内であれば、【[ターゲット詳細](#)】の画面にターゲット一覧が表示されますが、500個を超える場合は表示されません。【[ダウンロード](#)】からターゲット情報をダウンロードし、「見つかったターゲット ID」を確認して下さい。

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

9. 全ターゲットが見つかり、見つかりませんでしたと報告されたターゲットが 0 になったら、【[次へ](#)】をクリックして下さい。

# 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基準の変更を行ってデザインを作成する場合

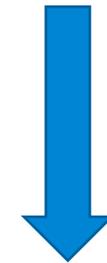


- 10. プローブグループ名を確認し、必要であれば編集します。
- 11. 【選択パラメータ】の項目を、必要に応じて変更します。各項目の詳細は次ページ以降をご覧ください。
- 12. 設定が終わったら【プローブ選択の開始】をクリックします。

# 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。

Balanced	▼
<b>Maximize Specificity</b>	
Balanced	
Maximize Coverage	



## 特異性の高さ

高い  
 低い

## デザインによる カバー率

低い  
 高い

### ※注意

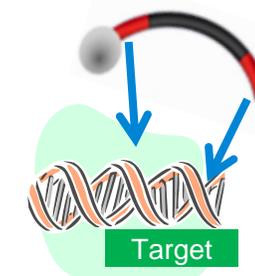
ユニークでないプローブは、ターゲット以外のゲノム領域をキャプチャする可能性が高く、ターゲット外の領域を読んだ Sequencing read が増える可能性があります。

そのため厳密性を低くしたデザインでは、その分シーケンシング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。

# 補足1 : 厳密性

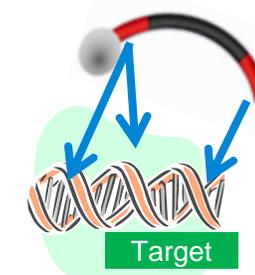
## ✓ Maximize Specificity

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。



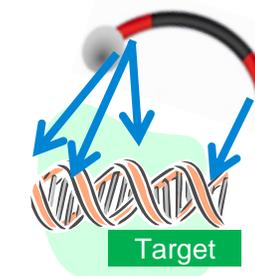
## ✓ Balanced

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。



## ✓ 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。



## 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。

Optimize for FFPE Samples:

### ※注意点①

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。

- Tier1 :	1 - 500 Kbp	(15,000 プローブ未満であること)	
- Tier1 Plus :	1 - 500 Kbp	(15,000 - 20,000 プローブであること)	注 : Tier1 Plus のカテゴリは HaloPlex のみです。
- Tier2 :	0.501 - 2.599 Mbp	(2,000,000 プローブ未満であること)	
- Tier3 :	2.6 - 5.0 Mbp	(2,000,000 プローブ未満であること)	

### ※注意点②

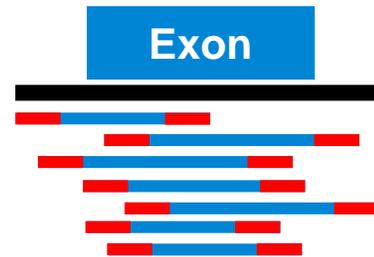
HaloPlex HS のライブラリを作成する場合、キャプチャされる DNA 分子の多様性を上げるために、“FFPE サンプルに最適化”にチェックを入れることをお勧めします。ただし、この適用によって価格帯が上がってしまう場合、適用せずに実験をすることも可能です。

## 補足2 : FFPEオプション

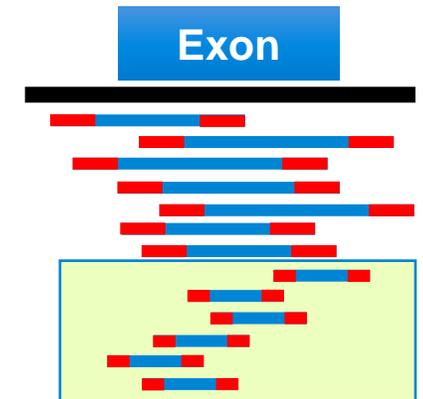
### ✓ 短いアンプリコンを作るプローブを追加

#### 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。



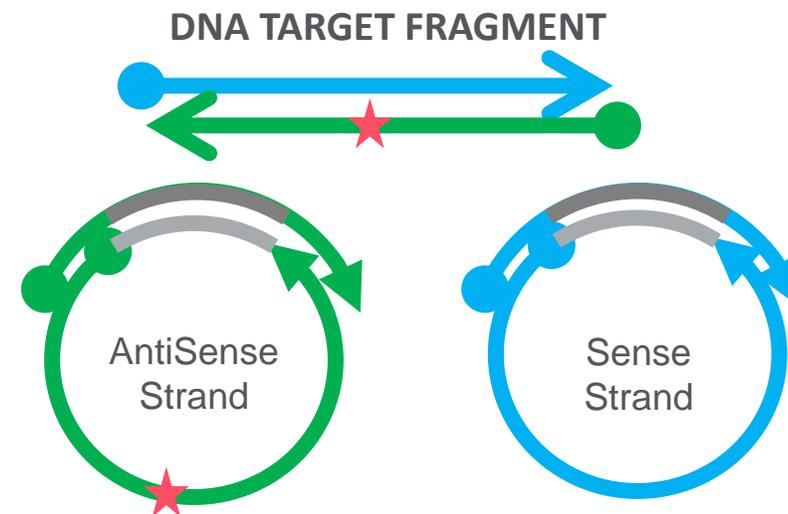
FFPE オプションを適用したデザイン  
FFPE オプションを適用すると、より長いアンプリコンがある領域であっても、50 - 100 bp の短いアンプリコンも含まれるようになります。



### ✓ gDNA の両鎖をキャプチャするプローブを追加

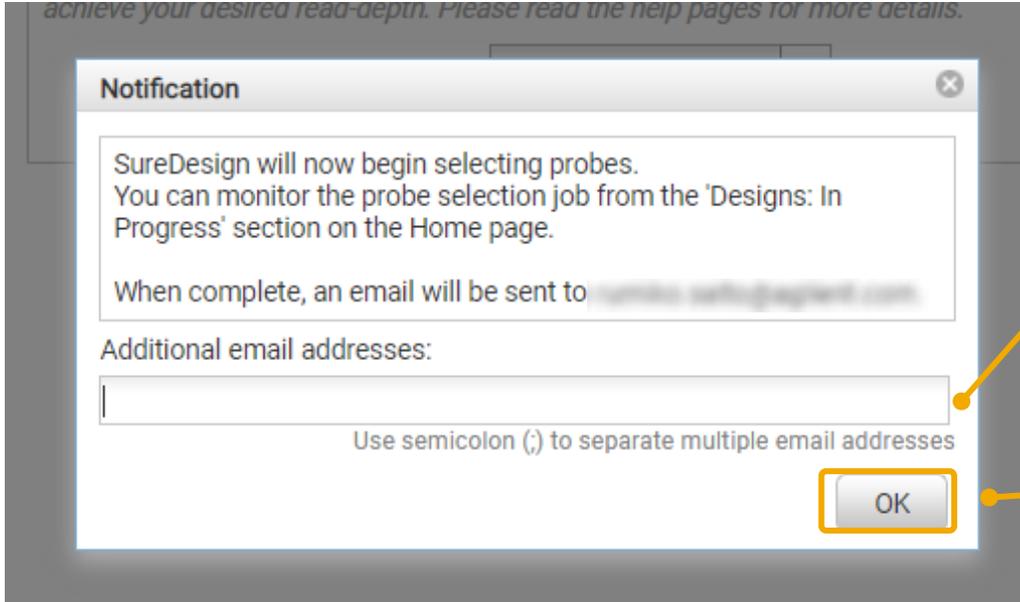
標準のカスタムデザインでは、ゲノム DNA のどちらかの Strand しかキャプチャしません。

FFPE オプションでは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、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。



# 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場合



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届きます。  
もし別のメールアドレスでの受信が必要な場合には、ここでメールアドレスを入力します。

13. 【OK】をクリックしてこのウィンドウを閉じます。

以降の作業は **p.39 Step4 コンテンツの追加 / 確認** をご覧下さい。

## 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場合

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できます。

Design Category:  HaloPlex    Next Gen PCR  
 HaloPlex<sup>HS</sup>    High sensitivity Next Gen PCR using molecular barcodes

\* Design Name:

\* Species:

\* Build: UCSC hg19, GRCh37, February 2009

\* Create In:  [Select](#)

\* Platform:  ▼

\* Read Length:  ▼

Description:

Keywords:

## ※注意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。あらかじめ、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。

## ※注意②

「デザイン済み疾患リサーチパネル」のデザインに含まれるプローブを利用したい場合、リード長として「150」を選択して下さい。

## ※注意③

「HaloPlex Exome」のデザインに含まれるプローブを利用したい場合、リード長として「100」を選択してください。

## ※注意④

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。記録いただくか、あらかじめp.7の【詳細情報】【キーワード】の項目に入力ください。

# 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場合

**✓ すべてのプローブを選択**  
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。

**✓ アンプリコン IDでプローブを選択**  
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。

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びます。
2. 【次へ】ボタンをクリックします。

# 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場合

SureDesign Help - Select Probe Source

HaloPlex (Advanced) > Select Existing Probes > Select Probe Source

Define Design  Add/Review Content  Tile Genes or Regions  **Select Existing Probes**  Finalize

Design  Probegroup

\* Workspace: Agilent Catalog \* Folder: Agilent Catalog

Design ID	Name	Species	Creation Date	Created By
<input type="checkbox"/> 00100-1357814080	HaloPlex Exome	H. sapiens (hg19)	20-Feb-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358263563	ClearSeq Arrhythmia ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358263628	ClearSeq ICCG ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358242818	ClearSeq Chromosome-X ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358243605	ClearSeq Connective Disorder ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358243073	ClearSeq Noonan Syndrome ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies

Total: 6 Selected: 0 Page 1 Rows 50

Selected Designs:

Cancel Back **Next**

3. プローブソースの選択では、プローブを抽出する元となるデザイン、またはプローブグループを指定します。

元となるものが、【デザイン】なのか、デザインに含まれない【プローブグループ】なのかを指定します。デザイン済み疾患リサーチパネルは【デザイン】です。

元となるデザインまたはプローブグループが存在する場所を指定します。デザイン済み疾患リサーチパネルは【アジレントカタログ】、カスタムデザインは【マイワークグループ】ワークスペースにあります。必要に応じて適切なフォルダを選択します。

利用するデザインまたはプローブグループが見つかったら、【選択】チェックボックスにチェックを入れ、【次へ】をクリックします。

**※注意点**  
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 p.7の【詳細情報】【キーワード】の項目に入力してください。

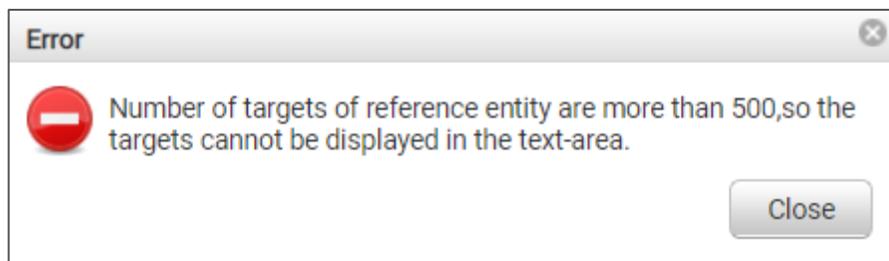


## メソッド 2

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場合

4. 【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、元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。  
25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ます。  
このメッセージを閉じると、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。



- ✓ 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。  
29ページをご参照ください。

## 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場合

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)

SureDesign Help - Select Probe Source

HaloPlex (Advanced) > Select Existing Probes > Select Probe Source

Define Design  Add/Review Content  Tile Genes or Regions

**Select Existing Probes**

Finalize

Design  Probegroup

\* Workspace: Agilent Catalog \* Folder: Agilent Catalog

Probe Source

Design ID	Name	Species	Creation Date	Created By
<input type="checkbox"/> 00100-1057014080	HaloPlex Exome	H. sapiens (hg19)	20-Feb-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358263563	ClearSeq Arrhythmia ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358263628	ClearSeq ICCG ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358242818	ClearSeq Chromosome-X ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input checked="" type="checkbox"/> 00100-1358243605	ClearSeq Connective Disorder ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/> 00100-1358243073	ClearSeq Noonan Syndrome ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies

Total: 6 Selected: 1 Page 1 Rows 50

Selected Designs: 00100-1358243605

Cancel Back Next

【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。

## 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場合

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)

The screenshot shows the SureDesign web interface. The main window is titled 'Select Existing Probes' and contains a list of target genes (e.g., LAMA2, CAPN3, ANO5, etc.) and options to filter by database (RefSeq, Ensembl, etc.) and region of interest (Coding Exons, etc.). The 'Next' button at the bottom right is highlighted with a yellow box.

【特定の遺伝子または領域用のプローブを選択】画面では、あらかじめこのデザインに含まれるターゲットの情報がリストされています。

ここから除きたい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。

### ※注意点

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 p.7 の【詳細情報】【キーワード】の項目に入力してください。

# 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場合

## X 染色体パネルからプローブを抽出する場合

**SureDesign** Help - Select Probe Source

HaloPlex (Advanced) > Select Existing Probes > **Select Probe Source**

Define Design  Add/Review Content  Tile Genes or Regions

**Select Existing Probes**

Finalize

Design  Probegroup  \* Workspace: Agilent Catalog \* Folder: Agilent Catalog

Probe Source

Design ID	Name	Species	Creation Date	Created By
<input type="checkbox"/>	00100-1357014880 HaloPlex Exome	H. sapiens (hg19)	20-Feb-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358263563 ClearSeq Arrhythmia ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358263628 ClearSeq ICCG ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input checked="" type="checkbox"/>	00100-1358242818 ClearSeq Chromosome-X ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358243605 ClearSeq Connective Disorder ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358243073 ClearSeq Noonan Syndrome ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies

Total: 6 Selected: 1 Page 1 Rows 50

Selected Designs: 00100-1358242818

Cancel Back **Next**

【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。



# 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場合

### X 染色体パネルからプローブを抽出する場合

SureDesign Help - Select probes for specific genes or regions

HaloPlex (Advanced) Select Existing Probes **Select probes for specific genes or regions**

Define Design ✓  
Add/Review Content ✓  
Tile Genes or Regions  
▶ Select Existing Probes  
Finalize

**HaloPlex Design**  
Name: HaloPexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

**Target Regions**  
# Regions: 201  
Size: 40,539 kbp

**Sequenced Regions**  
# Amplicons: 2227  
Size: 118,754 kbp  
Price Tier: Tier 1  
Coverage: 99.24 %  
UCSC View BAM Download

**Targets:**  
# Enter gene IDs, gene symbols, or accessions.  
# SureDesign will map these targets to genomic locations  
# using the parameters below, then select probes from the  
# defined probe source that match the locations.  
SMAD4  
NM\_005359  
ENST00000342988  
CCDS11950  
4089  
  
# Enter UCSC browser or BED coordinates  
chr18:48573407-48573675  
chr18 48573406 48573675  
  
# Enter coordinates with identifiers  
chr18:48575655-48575704 MyGene1  
chr18 48577713 48577795 MyGene2 # exon 1  
chr18 48578994 48579032 MyGene2 # exon 2  
  
# Enter cytoband  
7p22.1

Upload  
Example  
Clear

\* Databases  
 RefSeq  
 Ensembl  
 CCDS  
 Gencode  
 VEGA  
 SNP  
 CytoBand

Regions of Interest  
 Coding Exons  
 Coding Exons + UTRs  5' UTR  3' UTR  
 Entire Transcribed Region

Include Flanking Bases:  
3': 10 bp 5': 10 bp  
 Allow Synonyms

Cancel Back **Next**

【特定の遺伝子または領域用のプローブを選択】画面では、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以上の場合はアップロードして、【次へ】をクリックします。

**※注意点**  
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 p.7 の【詳細情報】【キーワード】の項目に入力してください。

## 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場合

## X 染色体パネルからプローブを抽出する場合

SureDesign Help - Select probes for specific genes or regions

HaloPlex (Advanced) Select Existing Probes Select probes for specific genes or regions

Define Design ✓  
Add/Review Content ✓  
Tile Genes or Regions  
Select Existing Probes  
Finalize

Probegroup Name

Target Summary

- 3 Target IDs resolved to 3 targets comprising 83 regions.
- 0 Target IDs were not found.

Target Details [View targets in UCSC](#)

Target ID	# Regions	Base Pairs	Position
AR	13	3409	chrX:66764979-66943693
C3	41	5855	chr19:6677883-6720610
F8	29	7860	chrX:154065862-154255102

HaloPlex Design

Name: HaloPexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

Target Regions

# Regions: 201  
Size: 40,539 kbp

Sequenced Regions

# Amplicons: 2227  
Size: 118,754 kbp  
Price Tier: Tier 1  
Coverage: 99.24 %

UCSC View BAM

**Download**

Cancel Back **Begin Probe Selection**

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。

【ターゲットサマリ】画面で検索したターゲットが見ついていることを確認します。

ターゲット検索結果は SureDesign のゲノムデータベースでの検索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、他の染色体の遺伝子（左の例ではC3）を入力してもプローブは選択されません。

## 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場合

## HaloPlex Exome からプローブを抽出する場合

SureDesign Help - Select Probe Source

HaloPlex (Advanced) > Select Existing Probes > **Select Probe Source**

Define Design  Add/Review Content  Tile Genes or Regions

**Select Existing Probes**

Finalize

Design  Probegroup  
 \* Workspace: Agilent Catalog \* Folder: Agilent Catalog

Design ID	Name	Species	Creation Date	Created By
<input checked="" type="checkbox"/>	00100-1357814080 HaloPlex Exome	H. sapiens (hg19)	20-Feb-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358263563 ClearSeq Arrhythmia ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358263628 ClearSeq ICCG ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358242818 ClearSeq Chromosome-X ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358243605 ClearSeq Connective Disorder ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies
<input type="checkbox"/>	00100-1358243073 ClearSeq Noonan Syndrome ILM	H. sapiens (hg19)	15-Jan-2013	Agilent Technologies

Total: 6 Selected: 1 Page 1 Rows 50

Selected Designs: 00100-1357814080

【プローブソースの選択】画面で HaloPlex Exome を選択し、【次へ】をクリックします。

# 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場合

## HaloPlex Exome からプローブを抽出する場合

**SureDesign** Help - Select probes for specific genes or regions

HaloPlex (Advanced) > Select Existing Probes > **Select probes for specific genes or regions**

Define Design ✓  
Add/Review Content ✓  
Tile Genes or Regions  
**Select Existing Probes**  
Finalize

**HaloPlex Design**  
Name: HaloPexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

**Target Regions**  
# Regions: 201  
Size: 40.539 kbp

**Sequenced Regions**  
# Amplicons: 2227  
Size: 118.754 kbp  
Price Tier: Tier 1  
Coverage: 99.24 %  
UCSC View BAM Download

**Targets:**  
# Enter gene IDs, gene symbols, or accessions.  
# SureDesign will map these targets to genomic locations  
# using the parameters below, then select probes from the  
# defined probe source that match the locations.  
SMAD4  
NM\_005359  
ENST00000342988  
CCDS11950  
4089  
  
# Enter UCSC browser or BED coordinates  
chr18:48573407-48573675  
chr18 48573406 48573675  
  
# Enter coordinates with identifiers  
chr18:48575655-48575704 MyGene1  
chr18 48577713 48577795 MyGene2 # exon 1  
chr18 48578994 48579032 MyGene2 # exon 2  
  
# Enter cytoband  
7p22.1

**\* Databases**  
 RefSeq  
 Ensembl  
 CCDS  
 Gencode  
 VEGA  
 SNP  
 CytoBand

**Regions of Interest**  
 Coding Exons  
 Coding Exons + UTRs  5' UTR  3' UTR  
 Entire Transcribed Region

**Include Flanking Bases:**  
3': 10 bp 5': 10 bp  
 Allow Synonyms

Upload  
Example  
Clear

Cancel Back **Next**

【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。選択したいターゲットを入力するか、500以上の場合はアップロードして、【次へ】をクリックします。

※注意点  
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 p.7の【詳細情報】【キーワード】の項目に入力してください。

# 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場合

## HaloPlex Exome からプローブを抽出する場合

SureDesign Help - Select probes for specific genes or regions

HaloPlex (Advanced) > Select Existing Probes > **Select probes for specific genes or regions**

Define Design ✔

Add/Review Content ✔

Tile Genes or Regions

**Select Existing Probes**

Finalize

---

**HaloPlex Design**

Name: HaloPexdemo

Species: H. sapiens (hg19)

Category: HaloPlex

**Target Regions**

# Regions: 201

Size: 40,539 kbp

**Sequenced Regions**

# Amplicons: 2227

Size: 118,754 kbp

Price Tier: ? Tier 1

Coverage: 99.24 %

UCSC View BAM

Download

Probegroup Name

Target Summary

- 40 Target IDs resolved to 40 targets comprising 777 regions.
- 0 Target IDs were not found.

Target Details [View targets in UCSC](#)

Target ID	# Regions	Base Pairs	Position
ACTA1	6	1254	chr1:229567236-229568872
AMPD1	16	2663	chr1:115215725-115238201
AN05	22	3182	chr11:22215029-22301321
CAPN3	26	3336	chr15:42646594-42704425
CAV3	2	496	chr3:8775553-8787563
CHKB	11	1408	chr22:51017600-51021220
COL6A1	35	3790	chr21:47401755-47423937
COL6A2	29	4010	chr21:47531381-47552476
COL6A3	44	10497	chr2:238233407-238305470
DES	9	1593	chr2:220283175-220290722
DMD	87	13178	chrX:31139940-33357392
DYSF	58	7650	chr2:71681119-71913632
EMD	6	885	chrX:153607835-153609567
FHL1	8	1312	chrX:135278952-135292194
FKRP	1	1508	chr19:47258698-47260205
FKTN	13	1957	chr9:108337304-108402414
ISPD	10	1556	chr7:16131310-16460957
ITGA7	30	4382	chr12:56078832-56106063

Cancel Back **Begin Probe Selection**

【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たことを確認します。

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た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。



# 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場合

【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。

SureDesign Help - Select probes by Amplicon ID

HaloPlex (Advanced) > Select Existing Probes > **Select probes by Amplicon ID**

Define Design ✔

Add/Review Content ✔

Tile Genes or Regions

**Select Existing Probes**

Finalize

---

**HaloPlex Design**

Name: HaloPlexdemo

Species: H. sapiens (hg19)

Category: HaloPlex

**Target Regions**

# Regions: NA

Size: NA

**Sequenced Regions**

# Amplicons: NA

Size: NA

Price Tier: NA

Coverage: NA

UCSC View    BAM

Download

\* Amplicon IDs:

# Enter Amplicons ID

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

Upload

Example

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	browser position chr1:13250-13615									
2	track name="Amplicons" description="Aqilent HaloPlex - Halo Exome - Amplicons" db="hg19" color="0,128,0" visibility="squish"									
3	chr1	13324	13511	AM_1357814080_000000		1000	+			
4	chr1	13324	13511	AM_1357814080_000001		1000	+			
5	chr1	69561	69613	AM_1357814080_000002		1000	+			
6	chr1	69563	69686	AM_1357814080_000003		1000	+			
7	chr1	324494	324781	AM_1357814080_000004		1000	-			
8	chr1	324773	324902	AM_1357814080_000005		1000	-			
9	chr1	664789	664841	AM_1357814080_000006		1000	-			
10	chr1	721159	721471	AM_1357814080_000007		1000	-			
11	chr1	721159	721471	AM_1357814080_000008		1000	-			
12	chr1	721159	721471	AM_1357814080_000009		1000	-			
13	chr1	721159	721471	AM_1357814080_000010		1000	-			
14	chr1	721359	721503	AM_1357814080_000011		1000	-			
15	chr1	721361	721474	AM_1357814080_000012		1000	-			
16	chr1	721361	721474	AM_1357814080_000013		1000	-			
17	chr1	721361	721474	AM_1357814080_000014		1000	-			
18	chr1	721361	721474	AM_1357814080_000015		1000	-			
19	chr1	721404	721604	AM_1357814080_000016		1000	-			
20	chr1	721522	721745	AM_1357814080_000017		1000	-			
21	chr1	721522	721745	AM_1357814080_000018		1000	-			
22	chr1	721604	721674	AM_1357814080_000019		1000	-			

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	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	browser position chr1:13250-13615									
2	track name="Amplicons" description="Aqilent HaloPlex - Halo Exome - Amplicons" db="hg19" color="0,128,0" visibility="squish"									
3	chr1	13324	13511	AM_1357814080_000000		1000	+			
4	chr1	13324	13511	AM_1357814080_000001		1000	+			
5	chr1	69561	69613	AM_1357814080_000002		1000	+			
6	chr1	69563	69686	AM_1357814080_000003		1000	+			
7	chr1	324494	324781	AM_1357814080_000004		1000	-			
8	chr1	324773	324902	AM_1357814080_000005		1000	-			
9	chr1	664789	664841	AM_1357814080_000006		1000	-			
10	chr1	721159	721471	AM_1357814080_000007		1000	-			
11	chr1	721159	721471	AM_1357814080_000008		1000	-			
12	chr1	721159	721471	AM_1357814080_000009		1000	-			
13	chr1	721159	721471	AM_1357814080_000010		1000	-			
14	chr1	721359	721503	AM_1357814080_000011		1000	-			
15	chr1	721361	721474	AM_1357814080_000012		1000	-			
16	chr1	721361	721474	AM_1357814080_000013		1000	-			
17	chr1	721361	721474	AM_1357814080_000014		1000	-			
18	chr1	721361	721474	AM_1357814080_000015		1000	-			
19	chr1	721404	721604	AM_1357814080_000016		1000	-			
20	chr1	721522	721745	AM_1357814080_000017		1000	-			
21	chr1	721522	721745	AM_1357814080_000018		1000	-			
22	chr1	721604	721674	AM_1357814080_000019		1000	-			

アンプリコン ID : "AM\_" で始まるユニークなID

# 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場合

Define Design ✓  
 Add/Review Content ✓  
 Tile Genes or Regions  
 Select Existing Probes  
 Finalize

\* Amplicon IDs:  
 # Enter Amplicons ID  
 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

HaloPlex Design  
 Name: HaloPlexdemo  
 Species: H. sapiens (hg19)  
 Category: HaloPlex

Target Regions  
 # Regions: NA  
 Size: NA

Sequenced Regions  
 # Amplicons: NA  
 Size: NA  
 Price Tier: NA  
 Coverage: NA

UCSC View BAM  
 Download

Upload  
 Example

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

```
AM_1357814080_000000
AM_1357814080_000001
AM_1357814080_000002
AM_1357814080_000003
AM_1357814080_000004
AM_1357814080_000005
AM_1357814080_000006
AM_1357814080_000007
AM_1357814080_000008
AM_1357814080_000009
AM_1357814080_000010
```

Clear

Cancel Back Next

【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ます。  
【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、【次へ】をクリックします。

Upload Amplicon IDs

Select File:  Browse

Upload Cancel

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 ID 1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。

## 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場合

SureDesign Help - Select probes by Amplicon ID

HaloPlex (Advanced) > Select Existing Probes > **Select probes by Amplicon ID**

Define Design ✔

Add/Review Content ✔

Tile Genes or Regions

▶ **Select Existing Probes**

Finalize

---

**HaloPlex Design**

Name: HaloPlexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

**Target Regions**

# Regions: NA  
Size: NA

**Sequenced Regions**

# Amplicons: NA  
Size: NA  
Price Tier: ? NA  
Coverage: NA

UCSC View    BAM

Download

\* Probegroup Name:

Target Summary

- 11 Amplicon IDs entered.

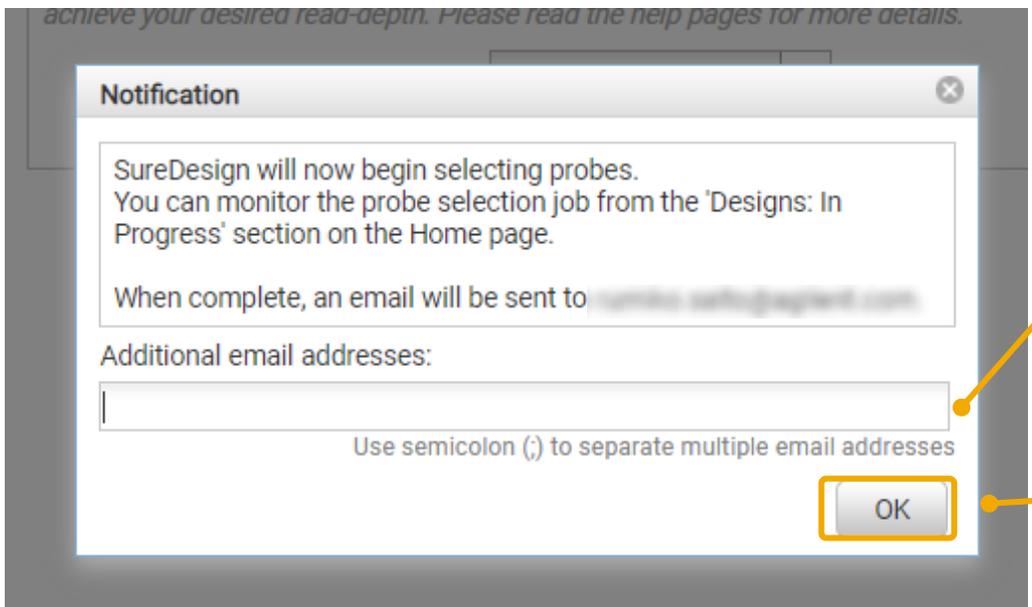
      

プローブグループ名を確認、必要に応じて編集し、入力されたアンプリコン ID の情報を確認します。

## 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場合

5. 【プローブ選択の開始】をクリックします。



プローブデザインにはある程度の時間がかかります。

プローブデザインが完了すると、SureDesignに登録されているメールアドレスに、メールで完了のお知らせが届きます。もし別のメールアドレスでの受信が必要な場合には、ここでメールアドレスを入力します。

6. 【OK】をクリックしてこのウィンドウを閉じます。

以降の作業は **p.39 Step4 コンテンツの追加 / 確認** をご覧下さい。

# 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で【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。

**SureDesign** Help - Add/Review Content

HaloPlex (Advanced) **Add/Review Content**

Define Design  **Add/Review Content**

- Tile Genes or Regions
- Select Existing Probes
- Finalize

Select Content Addition Method

Design new probes by tiling genes or regions

Select probes from an existing Design or Probegroup

Select probes by Amplicon ID

- Or -

Finalize this design

Probegroup Summary

Name	# Targets	Target Size	# Amplicons	Actions
HaloPlexdemo_1	Processing			

**HaloPlex Design**

Name: HaloPlexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

**Target Regions**

# Regions: NA  
Size: NA

**Sequenced Regions**

# Amplicons: NA  
Size: NA  
Price Tier: [i](#) NA  
Coverage: NA

UCSC View BAM Download

Close Design Wizard Back Next

## Step4 コンテンツの追加 / 確認

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

**SureDesign** Help - Add/Review Content

HaloPlex (Advanced) Add/Review Content

Define Design  Add/Review Content

Tile Genes or Regions  
Select Existing Probes  
Finalize

Select Content Addition Method

Design new probes by tiling genes or regions  
 Select probes from an existing Design or Probegroup

Select probes by Amplicon ID

- Or -

Finalize this design

Probegroup Summary

Name	# Targets	Target Size	# Amplicons	Actions
HaloPlexdemo_1	7	910 bp	11	<a href="#">Remove</a>   <a href="#">Modify</a>

**HaloPlex Design**

Name: HaloPlexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

**Target Regions**

# Regions: 7  
Size: 910 bp

**Sequenced Regions**

# Amplicons: 11  
Size: 1.072 kbp  
Price Tier: [i](#) Tier 1  
Coverage: 69.56 %

[UCSC View](#) [BAM](#)  
[Download](#)

[Close Design Wizard](#) [Back](#) [Next](#)

# Step4 コンテンツの追加 / 確認

3. 設定が終了したら、画面左端に表示されるデザイン結果のサマリを確認します。

**HaloPlex Design**

Name: HaloPlexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

**Target Regions**

# Regions: 72  
Size: 9.653 kbp

**Sequenced Regions**

# Amplicons: 996  
Size: 34.674 kbp  
Price Tier: Tier 1  
Coverage: 97.12 %

UCSC View BAM Download

Name	# Targets	Target Size	# Amplicons	Actions
HaloPlexdemo_2	65	8.743 kbp	985	Remove   Modify
HaloPlexdemo_1	7	910 bp	11	Remove   Modify

Close Design Wizard Back Next

この画面でデザインの基本情報を確認します。

- ✓ **HaloPlex デザイン**  
名前: デザイン名  
生物種: HaloPlex の場合、ヒトのみ
- ✓ **ターゲット領域**  
領域数: ターゲットとして入力された領域の総数  
サイズ: ターゲット領域のトータルサイズ
- ✓ **プローブ**  
アンプリコン数: アンプリコンの総数  
(アンプリコン数が閾値を超えると、価格帯が変わります。)
- サイズ: シーケンスされる領域のトータルサイズ  
価格の階層: 作成されたカスタムデザインの価格帯

#### Illumina Price Tiers:

- Tier 1: 1 - 500 kbp
- Tier 1 Plus: 1 - 500 kbp
- Tier 2: 0.501 - 2.599 Mbp
- Tier 3: 2.6 - 5.0 Mbp

#### Note:

Tier 1 designs must contain up to 15K amplicons.  
Tier 1 Plus designs must contain 15K to 20K amplicons.

# Step4 コンテンツの追加 / 確認

4. 【ダウンロード】ボタンをクリックすると、デザイン全体および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。

The screenshot shows the SureDesign interface with a 'Download' dialog box open. The dialog displays the following information:

- Name: HaloPlexdemo
- Species: H. sapiens (hg19)
- Please select files to download.

The list of files to download includes:

- [Folder]
- [Folder]\_AllTracks.bed
- [Folder]\_Amplicons.bed
- [Folder]\_Covered.bed
- [Folder]\_Regions.bed
- [Folder]\_Report.txt
- [Folder]\_Targets.txt
- HaloPlexdemo\_2
- HaloPlexdemo\_2\_AllTracks.bed
- HaloPlexdemo\_2\_Amplicons.bed
- HaloPlexdemo\_2\_Covered.bed
- HaloPlexdemo\_2\_Regions.bed
- HaloPlexdemo\_2\_Report.txt
- HaloPlexdemo\_2\_Targets.txt
- HaloPlexdemo\_1

The 'Download' button is visible at the bottom of the dialog. A yellow arrow points from the 'Download' button in the background to the highlighted '\_Report.txt' and 'HaloPlexdemo\_2\_Report.txt' files in the dialog.

Report.txt で各ターゲットのカバレッジを確認します。

# Step4 コンテンツの追加 / 確認

デザイン全体およびプローブグループごとにダウンロードできるファイルは6種類あります。

<Design ID>\_ Amplicon.bed  
<ProbeGroup名>\_ Amplicon.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr1:206941810-206941980				
2	track name="Amplicons"	description="Agilent HaloPlex - HaloPlexde				
3	chr1	206941800	206941980	AM_j5018	1000	+

Design に含まれる Amplicon の位置情報を記載した bed ファイル

11	chr1	206941961	206942098	AM_j5018	1000	-
12	chr1	206941980	206942467	AM_j5018	1000	+
13	chr1	206941983	206942470	AM_j5018	1000	-
14	chr1	206942000	206942073	AM_j5018	1000	+
15	chr1	206942000	206942073	AM_j5018	1000	-
16	chr1	206942073	206942144	AM_j5018	1000	+
17	chr1	206942073	206942144	AM_j5018	1000	-
18	chr1	206943025	206943200	AM_j5018	1000	+
19	chr1	206943028	206943204	AM_j5018	1000	-
20	chr1	206943080	206943178	AM_j5018	1000	+
21	chr1	206943080	206943180	AM_j5018	1000	-

<Design ID>\_ Covered.bed  
<ProbeGroup名>\_ Covered.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr1:13330-13506				
2	track name="Covered"	description="Agilent HaloPlex - HaloPlexdem				
3	chr1	13329	13506	chr1:13402-13506		

Design でカバーされる領域の位置情報を記載した bed ファイル

11	chr1	206942180	206942400	IL10		
12	chr1	206943030	206943489	IL10		
13	chr1	206943911	206945001	IL10		
14	chr1	206945034	206945179	IL10		
15	chr1	206945445	206945942	IL10		
16	chr2	113532465	113532967	IL1A		
17	chr2	113532981	113533127	IL1A		
18	chr2	113535200	113535348	IL1A		
19	chr2	113535405	113535778	IL1A		
20	chr2	113535782	113535927	IL1A		
21	chr2	113536767	113536912	IL1A		

<Design ID>\_ Regions.bed  
<ProbeGroup名>\_ Regions.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr1:206941971-206942083				
2	track name="Target Regions"	description="Agilent HaloPlex - HaloP				
3	chr1	206941970	206942083	IL10		

最初に Input したターゲット領域の位置情報を記載した bed ファイル

11	chr19	55880129	55880139	IL11		
12	chr19	55881661	55881688	IL11		
13	chr5	131993868	131994062	IL13		
14	chr5	131995099	131995173	IL13		
15	chr5	131995405	131995530	IL13		
16	chr5	131995856	131996023	IL13		
17	chr2	113532633	113532854	IL1A		
18	chr2	113535553	113535698	IL1A		
19	chr2	113537062	113537253	IL1A		
20	chr2	113539170	113539413	IL1A		
21	chr2	113540282	113540351	IL1A		

<Design ID>\_ Report.txt  
<ProbeGroup名>\_ Report.txt

Report.txt	
1	# File Summary
2	File Type: HaloPlex Design Report
3	Created By: HaloPlex Advanced Design Wizard
4	Header

Design のサマリーを記載したテキストファイル

10	Design Name: HaloPlexdemo
11	Design ID:
12	Design Category: HaloPlex
13	Species: H. sapiens (UCSC hg19, GRCh37, February 2009)
14	Platform: Illumina
15	Read Length: 150 bp
16	
17	# Probegroup Summary
18	Number of Probegroups: 2
19	Probegroup 1 : HaloPlexdemo_1
20	Probegroup 2 : HaloPlexdemo_2
21	

<Design ID>\_ AllTracks.bed  
<ProbeGroup名>\_ AllTracks.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr1:206941971-206942083				
2	track name="Target Regions"	description="Agilent HaloPlex - HaloP				
3	chr1	206941970	206942083	IL10		
4	chr1	206943163	206943249	IL10		

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

15	chr5	131995405	131995530	IL13		
16	chr5	131995856	131996023	IL13		
17	chr2	113532633	113532854	IL1A		
18	chr2	113535553	113535698	IL1A		
19	chr2	113537062	113537253	IL1A		
20	chr2	113539170	113539413	IL1A		
21	chr2	113540282	113540351	IL1A		

<Design ID>\_ targets.txt  
<ProbeGroup名>\_ targets.txt

Targets.txt	
1	# File Type: Input Targets File
2	# Timestamp:
3	# User:
4	# Created By: HaloPlex Advanced Design Wizard

最初に Input したターゲットの内容

10	chr1:324500-324594
11	chr1:324682-324776
12	chr1:324779-324897
13	chr1:664795-664836
14	chr1:721405-721743
15	IL1A
16	IL1B
17	IL2
18	IL3
19	IL4
20	IL5
21	IL6

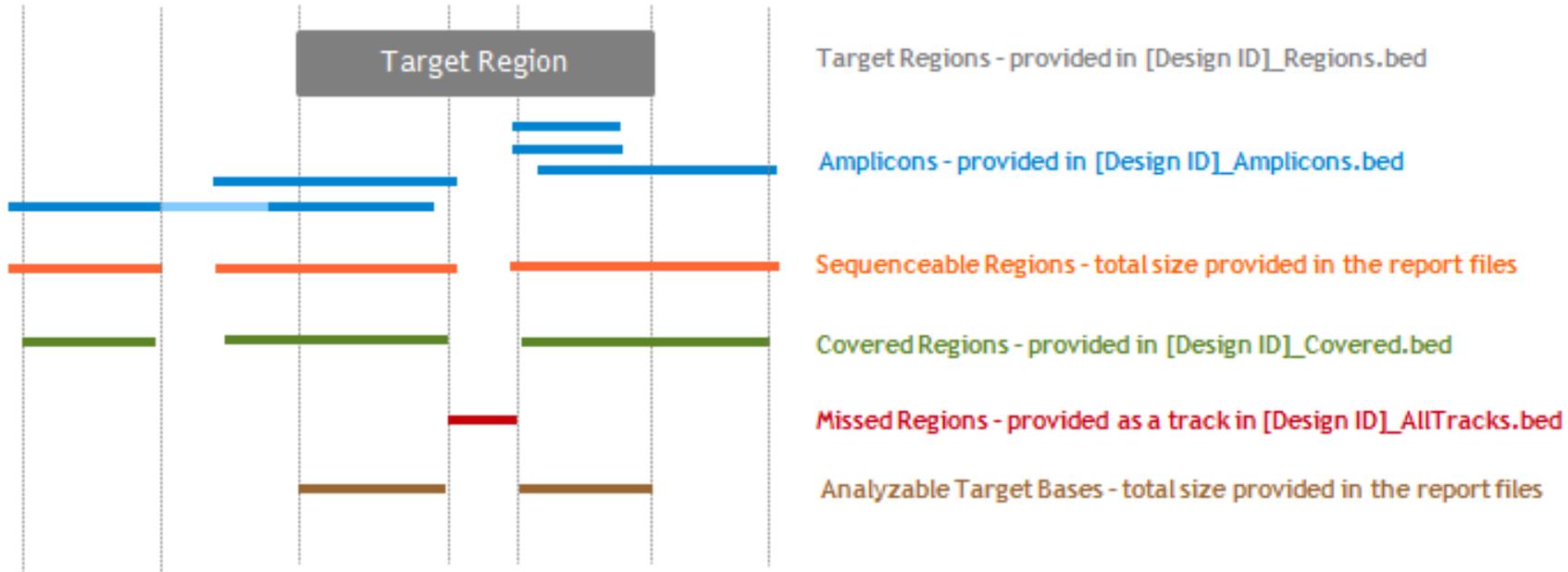
# Step4 各ターゲットカバレッジの確認 (Report.txtファイル)

実際の各ターゲットのカバレッジは、Report.txt 中の Coverage の項目でご確認ください。  
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。

	A	B	C	D	E	F	G	H
1	# File Summary							
2	File Type: HaloPlex Design Report							
3	Created By: HaloPlex Advanced Design Wizard							
4	User:							
5	Workgroup:							
6	Folder:							
7	Timestamp:							
8								
9	# Design Summary							
10	Design Name: HaloPlexdemo							
11	Design ID: 04818-1672989845							
12	Design Category: HaloPlex							
13	Species: H. sapiens (UCSC hg19, GRCh37, February 2009)							
14	Platform: Illumina							
15	Read Length: 150 bp							
16								
17	# Probegroup Summary							
18	Number of Probegroups: 2							
19	Probegroup 1 : HaloPlexdemo_2							
20	Probegroup 2 : HaloPlexdemo_1							
21								
22	# Target Summary							
23	Target Region Size: 9.653 kbp							
24								
25	# Amplicon Summary							
26	Total Amplicons: 996							
27	Total Target Bases Analyzable: 9.375 kbp							
28	Total Sequenceable Design Size: 34.674 kbp							
29	Target Coverage: 97.12 %							
30	Recommended Minimum Sequencing per Sample: 6.934 Mbp							
31	Pricing: Illumina Tier 1 (Probe Region Size = 1 - 500 kbp; up to 15K probes)							

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
34	# Target and Probe Details								
35	# TargetID: The identifier entered in the Targets list.								
36	# Interval: The genomic interval of the target.								
37	# Regions: The number of regions within this target.								
38	# Size: The total size (in base pairs) of the regions.								
39	# Database(s): The databases in which this target was found.								
40	# Coverage: Bases overlapped by probes (extended +/- 100 bp) to represent likely capture.								
41	# High Coverage: Number of regions where analyzable amplicon overlap >= 90%.								
42	# Low Coverage: Number of regions where analyzable amplicon overlap < 90								
43									
44	TargetID	Interval	Regions	Size	Databases	Coverage	HighCover	LowCoverage	
45	IL10	chr1:2069	5	637	CCDS, Ens	100	5	0	
46	IL11	chr19:558	5	700	CCDS, Ens	99.86	5	0	
47	IL13	chr5:1319	4	560	CCDS, Ens	100	4	0	
48	IL1A	chr2:1135	6	936	CCDS, Ens	100	6	0	
49	IL1B	chr2:1135	6	930	CCDS, Ens	100	6	0	
50	IL2	chr4:1233	4	542	CCDS, Ens	100	4	0	
51	IL3	chr5:1313	5	559	CCDS, Ens	100	5	0	
52	IL4	chr5:1320	5	663	CCDS, Ens	100	5	0	
53	IL5	chr5:1318	5	547	CCDS, Ens	100	5	0	
54	IL6	chr7:2276	4	1007	CCDS, Ens	100	4	0	
55	IL7	chr8:7964	7	743	CCDS, Ens	100	7	0	
56	IL8	chr4:7460	4	384	CCDS, Ens	100	4	0	
57	IL9	chr5:1352	5	535	CCDS, Ens	100	5	0	
58	chr1:1340	chr1:1340	1	105	NA	100	1	0	
59	chr1:3245	chr1:3245	1	95	NA	100	1	0	
60	chr1:6956	chr1:6956	1	115	NA	100	1	0	
61	chr1:6647	chr1:6647	1	42	NA	100	1	0	
62	chr1:7214	chr1:7214	1	339	NA	18.29	0	1	
63	chr1:3246	chr1:3246	1	95	NA	100	1	0	
64	chr1:3247	chr1:3247	1	119	NA	100	1	0	

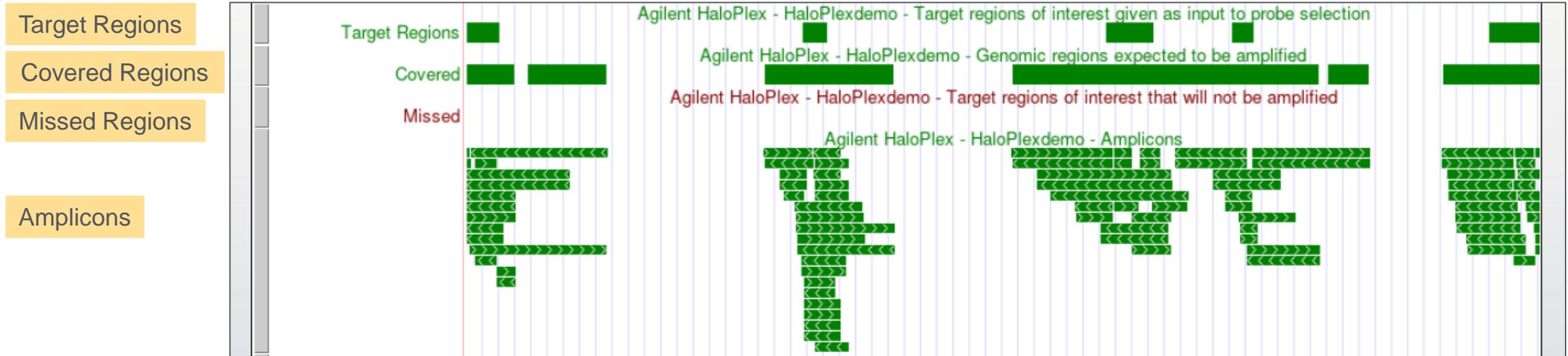
# Step4 各ターゲットカバレッジの確認 : 補足



- Target Regions  
ターゲット領域の位置情報 : [Design ID]\_Regions.bed に記載されています。
- Amplicons  
実際に増幅されるアンプリコンの位置情報 : [Design ID]\_Regions.bed に記載されています。
- 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 Regions  
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の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 に記載にされています。
- Missed Regions  
解析できない領域 : [Design ID]\_AllTracks.bed 中のトラックとして記載されています。
- 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。

# Step4 各ターゲットカバレッジの確認

BEDファイルをUCSC Genome Browser にカスタムトラックとしてインポートすると、以下の情報を見ることが出来ます。



- Target Regions : 目的のターゲット領域として SureDesign にインプットした領域（設計できなかった領域も含む）
- Covered Regions : 設計でカバーされた領域
- Missed Regions : 設計できなかった領域
- Amplicons : 実際に増幅されるアンプリコンの位置

# Step4 各ターゲットカバレッジの確認

5. 【UCSC View】をクリックすると、UCSC Genome Browser 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。

The screenshot shows the SureDesign interface on the left and the UCSC Genome Browser on the right. A yellow arrow indicates the transition from the 'UCSC View' button in the SureDesign interface to the UCSC Genome Browser window.

**SureDesign Interface (Left):**

- Header: SureDesign
- Page: HaloPlex (Advanced) > Add/Review Content
- Define Design: Add/Review Content (checked)
- Options: Tile Genes or Regions, Select Existing Probes, Finalize
- Select Content Addition Method:
  - Design new probes by tiling genes or regions
  - Select probes from an existing Design or Probe Group
- Probes Group Summary Table:
 

Name	# Targets
HaloPlexdemo_2	65
HaloPlexdemo_1	7
- HaloPlex Design Summary:
  - Name: HaloPlexdemo\_1
  - Species: H. sapiens (hg19)
  - Category: HaloPlex
  - Target Regions: # Regions: 70, Size: 9.653 kbp
  - Sequenced Regions: # Amplicons: 996, Size: 34.674 kbp, Price Tier: Tier 1, Coverage: 97.12 %
- Buttons: UCSC View (highlighted), BAM, Download

**UCSC Genome Browser (Right):**

- Header: UCSC Genome Browser on Human (GRCh37/hg19)
- Navigation: move <<< << < > >> >>>, zoom in 1.5x 3x 10x base, zoom out 1.5x 3x 10x 100x
- Search: multi-region chr1:206,941,970-206,945,790 3,821 bp. gene, chromosome range, search terms, help pages, see example go examples
- Chromosome: chr1 (q32.1) | 1p31.1 | 1q12 | q41 | 43 44
- Scale: 1 kb | hg19
- Annotations:
  - Target Regions (green bars)
  - Covered (green bars)
  - Missed (red bars)
  - Amplicons (green arrows)
  - Reference Assembly Fix Patch Sequence Alignments
  - Reference Assembly Alternate Haplotype Sequence Alignments
  - UCSC Genes (RefSeq, GenBank, CCDS, Rfam, tRNAs & Comparative Genomics)
  - RefSeq genes from NCBI
  - Publications: Sequences in Scientific Articles
  - Sequences SNPs
  - OMIM Gene Phenotypes - Dark Green Can Be Disease-causing
- Gene: IL10
- Buttons: Close Design Wizard, Back, Next

# Step4 各ターゲットカバレッジの確認

6. 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・変更を行うことができます。

Select Content Addition Method

Design new probes by tiling genes or regions  
 Select probes from an existing Design or Probegroup

Select all probes

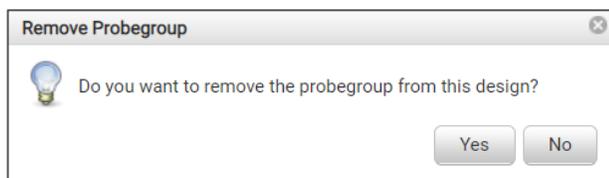
- Or -

Finalize this design

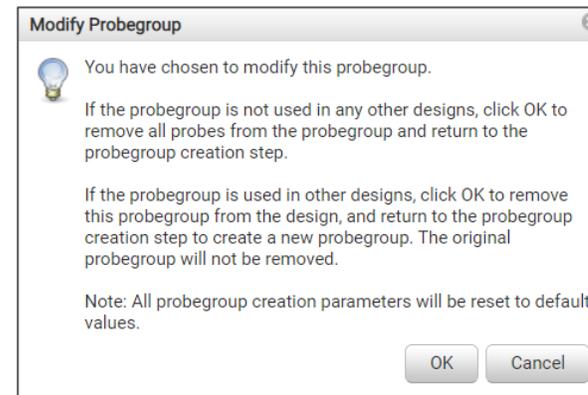
Probegroup Summary

Name	# Targets	Target Size	# Amplicons	Actions
HaloPlexdemo_2	65	8.743 kbp	985	Remove Modify
HaloPlexdemo_1	7	910 bp	11	Remove Modify

【削除】をクリックすると、下記確認画面が現れます。  
【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。



【変更】をクリックすると、下記確認画面が現れます。  
【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が作成されます。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されます。



# Step4 各ターゲットカバレッジの確認

SureDesign Help - Add/Review Content

HaloPlex (Advanced) Add/Review Content

Define Design  Add/Review Content

Tile Genes or Regions  
Select Existing Probes  
Finalize

Select Content Addition Method

Design new probes by tiling genes or regions  
 Select probes from an existing Design or Probegroup

Select all probes

- Or -  
 Finalize this design

Probegroup Summary

Name	# Targets	Target Size	# Amplicons	Actions
HaloPlexdemo_2	65	8.743 kbp	985	Remove   Modify
HaloPlexdemo_1	7	910 bp	11	Remove   Modify

HaloPlex Design

Name: HaloPlexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

Target Regions

# Regions: 72  
Size: 9.653 kbp

Sequenced Regions

# Amplicons: 996  
Size: 34.674 kbp  
Price Tier: Tier 1  
Coverage: 97.12 %

UCSC View BAM Download

Close Design Wizard Back Next

7. 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。

SureDesign Home Find Designs Create Designs

Start Designing

SureSelect DNA SureSelect RNA SureSelect All-In-One OneSeq HaloPlex CGH Custo

Designs: In Progress

Design Name	Status	Actions
HaloPlexdemo	Draft	Close
HaloPlexdemo_2	Complete	
HaloPlexdemo_1	Complete	

8. 再開するには、ホームタブの【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。

# Step5 ファイナライズ

SureDesign - Add/Review Content

HaloPlex (Advanced) Add/Review Content

Define Design  Add/Review Content  Finalize

Select Content Addition Method

Design new probes by tiling genes or regions

Select probes from an existing Design or Probegroup

Select all probes

- Or -

Finalize this design

Probegroup Summary

Name	# Targets	Target Size	# Amplicons	Actions
HaloPlexdemo_2	65	8,743 kbp	985	Remove   Modify
HaloPlexdemo_1	7	910 bp	11	Remove   Modify

HaloPlex Design

Name: HaloPlexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

Target Regions

# Regions: 72  
Size: 9,653 kbp

Sequenced Regions

# Amplicons: 996  
Size: 34,674 kbp  
Price Tier: Tier 1  
Coverage: 97.12 %

UCSC View BAM Download

Close Design Wizard Back Next

1. 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。

SureDesign - Finalize Design

HaloPlex (Advanced) Finalize Design

Define Design  Add/Review Content  Finalize

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

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

Target Details

Target ID	Interval	Length	Coverage	# Regions	# Good Coverage
IL10	chr1:206941971-20694579	637	100	5	5
IL11	chr19:53877365-53881688	700	99.86	5	5
IL13	chr5:131993869-13199602	560	100	4	4
IL1A	chr2:113532634-11354135	936	100	6	6
IL1B	chr2:113587928-11359381	930	100	6	6
IL2	chr4:123372897-12337760	542	100	4	4
IL3	chr5:131396390-13139849	559	100	5	5
IL4	chr5:132009733-13201828	663	100	5	5
IL5	chr5:131877493-13189241	547	100	5	5
IL6	chr7:22766872-22771202	1007	100	4	4
IL7	chr8:79645938-79717167	743	100	7	7
IL8	chr4:74606366-74608191	384	100	4	4
IL9	chr5:135228070-13523151	535	100	5	5
chr1:13402-13506	chr1:13402-13506	105	100	1	1
chr1:324500-324594	chr1:324500-324594	95	100	1	1
chr1:69567-69681	chr1:69567-69681	115	100	1	1
chr1:664795-664836	chr1:664795-664836	42	100	1	1
chr1:721405-721743	chr1:721405-721743	339	18.29	1	0

HaloPlex Design

Name: HaloPlexdemo  
Species: H. sapiens (hg19)  
Category: HaloPlex

Target Regions

# Regions: 72  
Size: 9,653 kbp

Sequenced Regions

# Amplicons: 996  
Size: 34,674 kbp  
Price Tier: Tier 1  
Coverage: 97.12 %

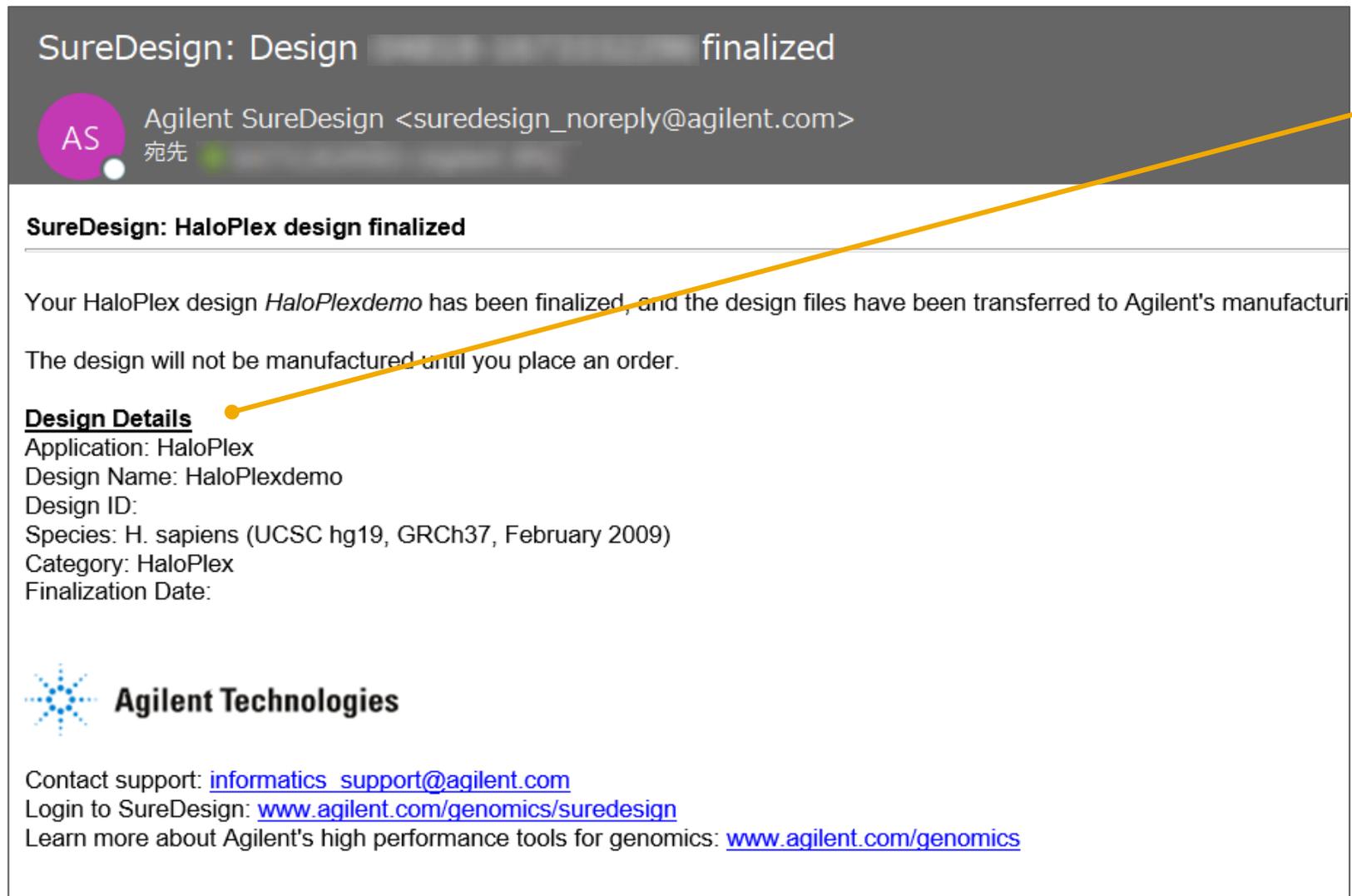
UCSC View BAM Download

Back Finalize Design

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。

# Step5 ファイナライズ

3. 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送信されます。



SureDesign: Design [redacted] finalized

AS Agilent SureDesign <suredesign\_noreply@agilent.com>  
宛先 [redacted]

**SureDesign: HaloPlex design finalized**

Your HaloPlex design *HaloPlexdemo* 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: HaloPlexdemo  
Design ID:  
Species: H. sapiens (UCSC hg19, GRCh37, February 2009)  
Category: HaloPlex  
Finalization Date:

 **Agilent Technologies**

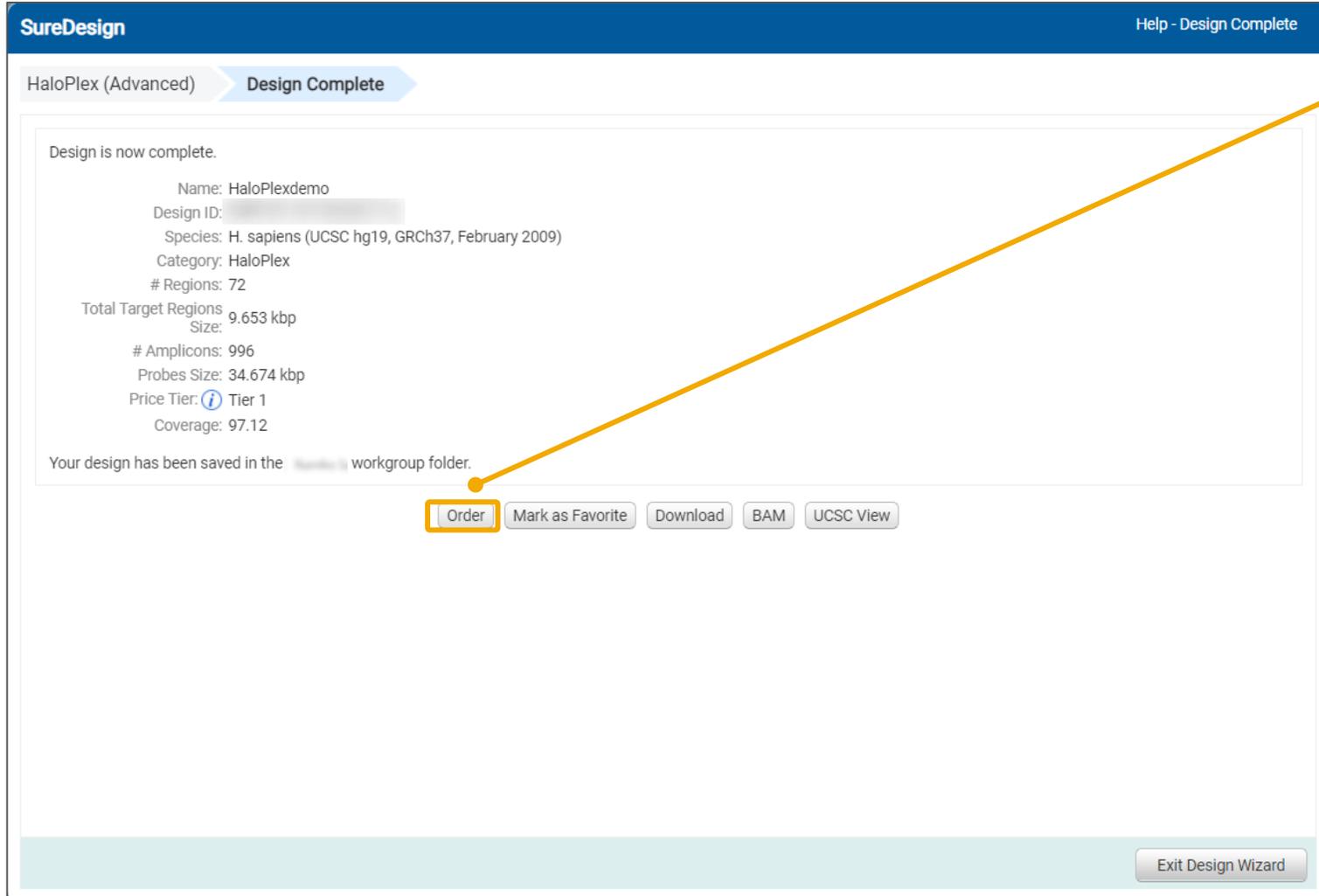
Contact support: [informatics\\_support@agilent.com](mailto:informatics_support@agilent.com)  
Login to SureDesign: [www.agilent.com/genomics/suredesign](http://www.agilent.com/genomics/suredesign)  
Learn more about Agilent's high performance tools for genomics: [www.agilent.com/genomics](http://www.agilent.com/genomics)

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

# Step5 ファイナライズ : デザインの確認

## 4. ファイナライズしたデザインを確認します。



The screenshot shows the SureDesign interface with the following content:

- Header: SureDesign | Help - Design Complete
- Navigation: HaloPlex (Advanced) | Design Complete
- Message: Design is now complete.
- Design Details:
  - Name: HaloPlexdemo
  - Design ID: [Redacted]
  - Species: H. sapiens (UCSC hg19, GRCh37, February 2009)
  - Category: HaloPlex
  - # Regions: 72
  - Total Target Regions Size: 9.653 kbp
  - # Amplicons: 996
  - Probes Size: 34.674 kbp
  - Price Tier: Tier 1
  - Coverage: 97.12
- Notification: Your design has been saved in the [Redacted] workgroup folder.
- Buttons: Order, Mark as Favorite, Download, BAM, UCSC View
- Footer: Exit Design Wizard

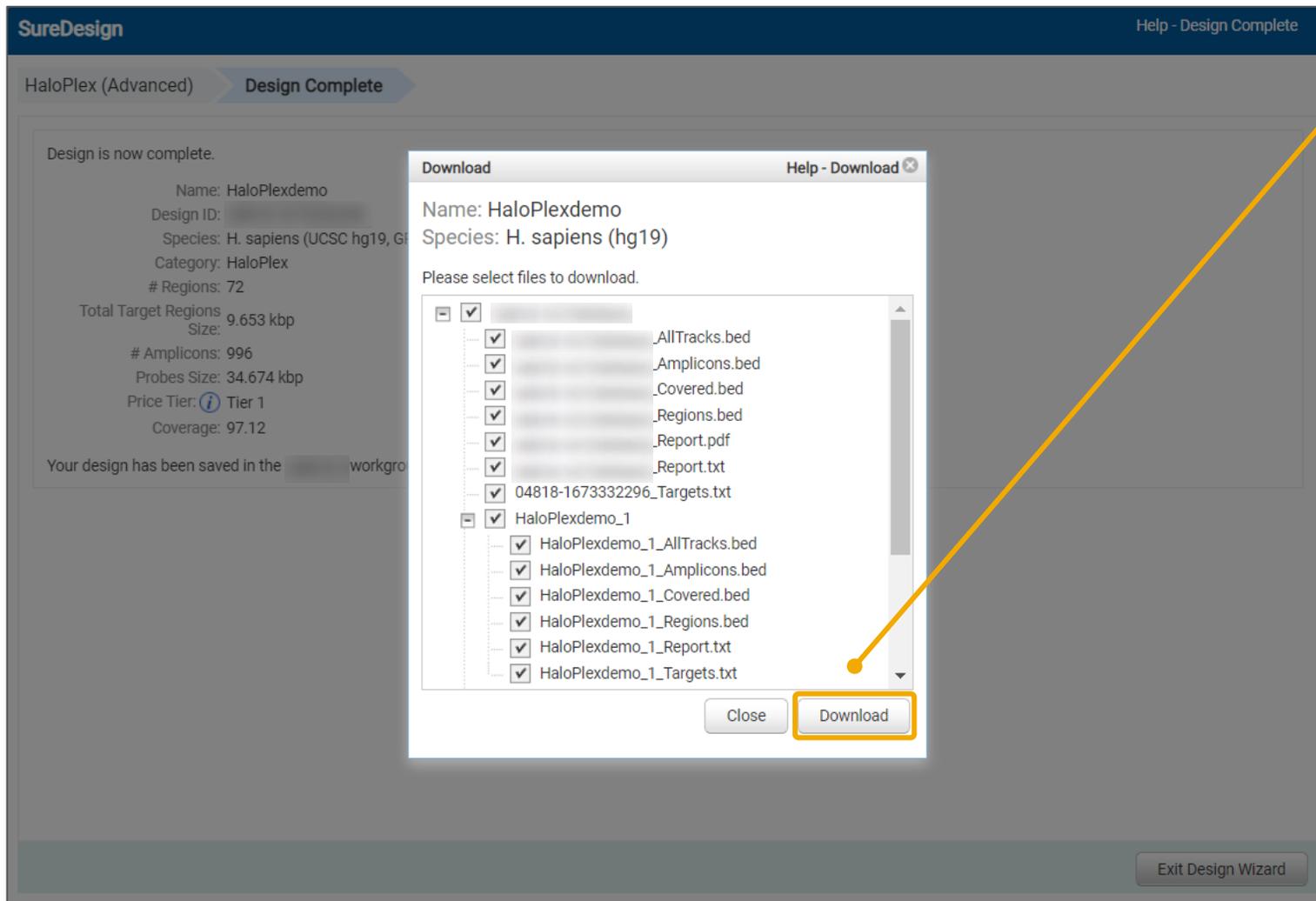
見積取得に進むには【オーダー】ボタンを押して Step6に進んでください。

【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。

# Step5 ファイナライズ : デザインの確認

5. 前ページのウィンドウで、【ダウンロード】ボタンをクリックします。

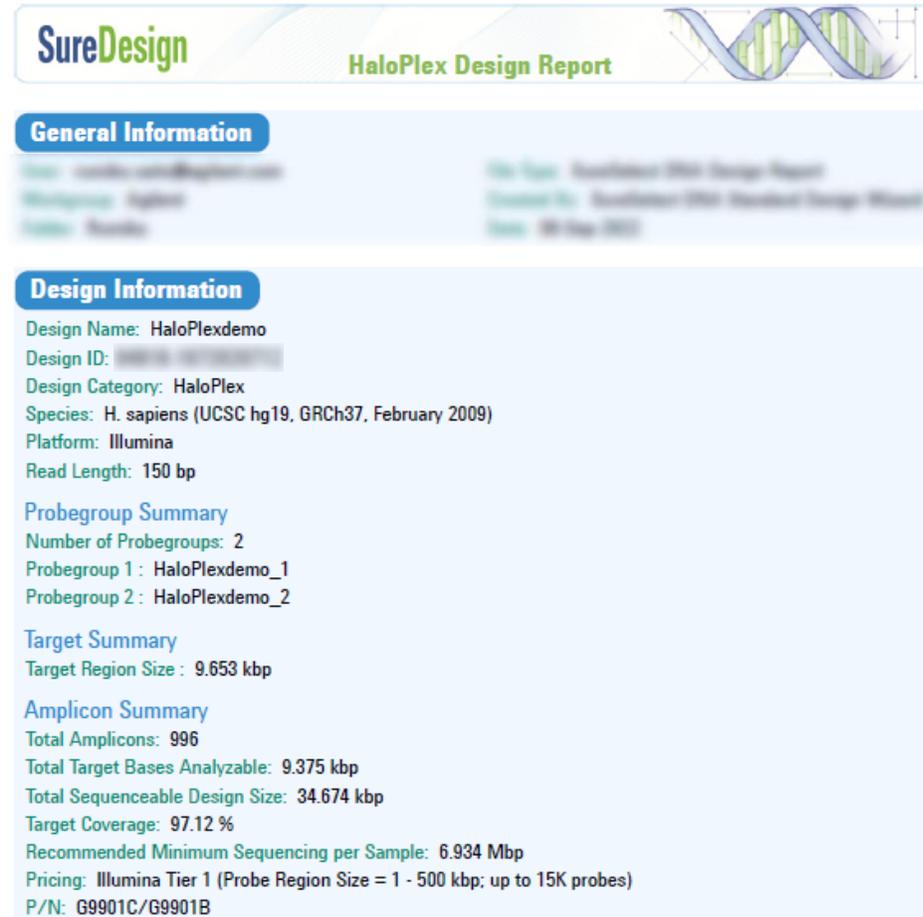


6. 表示されたダウンロード画面下方の【ダウンロード】ボタンをクリックします。

7. ダウンロード先に <Design ID>.zip の形式でファイルが保存されます。ダブルクリックで解凍してください。ダウンロードできるファイルの種類については次のページを参照してください。

## Step5 ファイナライズ : ダウンロードしたファイルによるプローブデザインの確認

- デザイン全体に含まれるファイル : <Design ID>\_Report.pdf 1種類



**SureDesign** HaloPlex Design Report

**General Information**

**Design Information**

Design Name: HaloPlexdemo  
 Design ID: [REDACTED]  
 Design Category: HaloPlex  
 Species: H. sapiens (UCSC hg19, GRCh37, February 2009)  
 Platform: Illumina  
 Read Length: 150 bp

**Probegroup Summary**

Number of Probegroups: 2  
 Probegroup 1 : HaloPlexdemo\_1  
 Probegroup 2 : HaloPlexdemo\_2

**Target Summary**

Target Region Size : 9.653 kbp

**Amplicon Summary**

Total Amplicons: 996  
 Total Target Bases Analyzable: 9.375 kbp  
 Total Sequenceable Design Size: 34.674 kbp  
 Target Coverage: 97.12 %  
 Recommended Minimum Sequencing per Sample: 6.934 Mbp  
 Pricing: Illumina Tier 1 (Probe Region Size = 1 - 500 kbp; up to 15K probes)  
 P/N: G9901C/G9901B

Design のサマリーを記載した PDF ファイル  
 Design のサマリーを記載したテキストファイルと同じ内容

# Step5 ファイナライズ : ダウンロードしたファイルによるプローブデザインの確認

## ● デザイン全体およびプローブグループに含まれるファイル : 6種類

<Design ID>\_ Amplicon.bed  
<ProbeGroup名>\_ Amplicon.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr1:206941810-206941980				
2	track name="Amplicons"	description="Agilent HaloPlex - HaloPlexdem				
3	chr1	206941900	206941980	AM_j5018	1000	+

Designに含まれるAmpliconの位置情報を記載したbedファイル

9	chr1	206941945	206942143	AM_j5018	1000	+
10	chr1	206941961	206942098	AM_j5018	1000	-
11	chr1	206941961	206942098	AM_j5018	1000	-
12	chr1	206941980	206942467	AM_j5018	1000	+
13	chr1	206941983	206942470	AM_j5018	1000	-
14	chr1	206942000	206942073	AM_j5018	1000	+
15	chr1	206942000	206942073	AM_j5018	1000	-
16	chr1	206942073	206942144	AM_j5018	1000	+
17	chr1	206942073	206942144	AM_j5018	1000	-
18	chr1	206943025	206943200	AM_j5018	1000	+
19	chr1	206943028	206943204	AM_j5018	1000	-
20	chr1	206943080	206943178	AM_j5018	1000	+
21	chr1	206943080	206943180	AM_j5018	1000	-

<Design ID>\_ Covered.bed  
<ProbeGroup名>\_ Covered.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr1:13330-13506				
2	track name="Covered"	description="Agilent HaloPlex - HaloPlexdem				
3	chr1	13329	13506	chr1:13402-13506		

Designでカバーされる領域の位置情報を記載したbedファイル

11	chr1	206942183	206942403	IL10		
12	chr1	206943030	206943489	IL10		
13	chr1	206943911	206945001	IL10		
14	chr1	206945034	206945179	IL10		
15	chr1	206945445	206945942	IL10		
16	chr2	113532465	113532967	IL1A		
17	chr2	113532981	113533127	IL1A		
18	chr2	113535200	113535348	IL1A		
19	chr2	113535405	113535778	IL1A		
20	chr2	113535782	113535927	IL1A		
21	chr2	113536767	113536912	IL1A		

<Design ID>\_ Regions.bed  
<ProbeGroup名>\_ Regions.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr1:206941971-206942083				
2	track name="Target Regions"	description="Agilent HaloPlex - HaloP				
3	chr1	206941970	206942083	IL10		

最初にInputしたターゲット領域の位置情報を記載したbedファイル

11	chr19	55880129	55880139	IL11		
12	chr19	55881661	55881688	IL11		
13	chr5	131993868	131994062	IL13		
14	chr5	131995099	131995173	IL13		
15	chr5	131995405	131995530	IL13		
16	chr5	131995856	131996023	IL13		
17	chr2	113532633	113532854	IL1A		
18	chr2	113535553	113535698	IL1A		
19	chr2	113537062	113537253	IL1A		
20	chr2	113539170	113539413	IL1A		
21	chr2	113540282	113540351	IL1A		

<Design ID>\_ Report.txt  
<ProbeGroup名>\_ Report.txt

Report.txt	
1	# File Summary
2	File Type: HaloPlex Design Report
3	Created By: HaloPlex Advanced Design Wizard
4	Created On: 2/2/2023 10:00:00 AM

Designのサマリーを記載したテキストファイル

10	Design Name: HaloPlexdemo
11	Design ID: <Design ID>
12	Design Category: HaloPlex
13	Species: H. sapiens (UCSC hg19, GRCh37, February 2009)
14	Platform: Illumina
15	Read Length: 150 bp
16	↓
17	# Probegroup Summary
18	Number of Probegroups: 2
19	Probegroup 1 : HaloPlexdemo_1
20	Probegroup 2 : HaloPlexdemo_2
21	↓

<Design ID>\_ AllTracks.bed  
<ProbeGroup名>\_ AllTracks.bed

	A	B	C	D	E	F
1	browser position	chr1:206941971-206942083				
2	track name="Target Regions"	description="Agilent HaloPlex - HaloP				
3	chr1	206941970	206942083	IL10		
4	chr1	206943163	206943249	IL10		

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

15	chr5	131995405	131995530	IL13		
16	chr5	131995856	131996023	IL13		
17	chr2	113532633	113532854	IL1A		
18	chr2	113535553	113535698	IL1A		
19	chr2	113537062	113537253	IL1A		
20	chr2	113539170	113539413	IL1A		
21	chr2	113540282	113540351	IL1A		

<Design ID>\_ targets.txt  
<ProbeGroup名>\_ targets.txt

Targets.txt	
1	# File Type: Input Targets File
2	# Timestamp: <Timestamp>
3	# User: <User>
4	Created By: HaloPlex Advanced Design Wizard

最初にInputしたターゲットの内容

10	chr1:324500-324594
11	chr1:324682-324776
12	chr1:324779-324897
13	chr1:664795-664836
14	chr1:721405-721743
15	IL1A
16	IL1B
17	IL2
18	IL3
19	IL4
20	IL5
21	IL6

## Step6 カスタムデザインのオーダー（見積依頼）

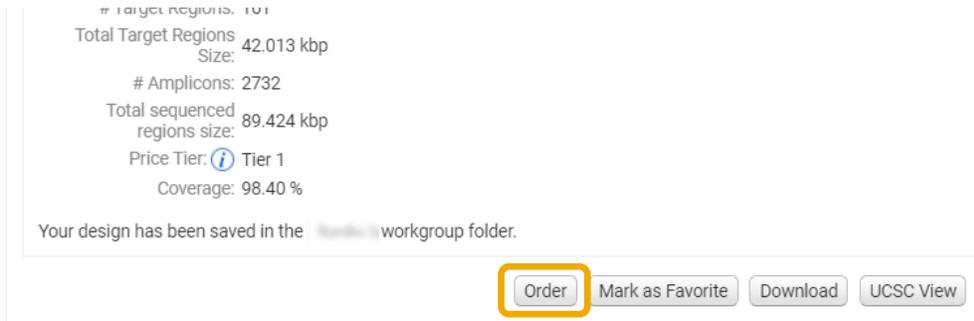
これ以降の操作につきましては、購入方法の資料もご参考ください。

SureDesign日本語資料サイト内「購入方法」

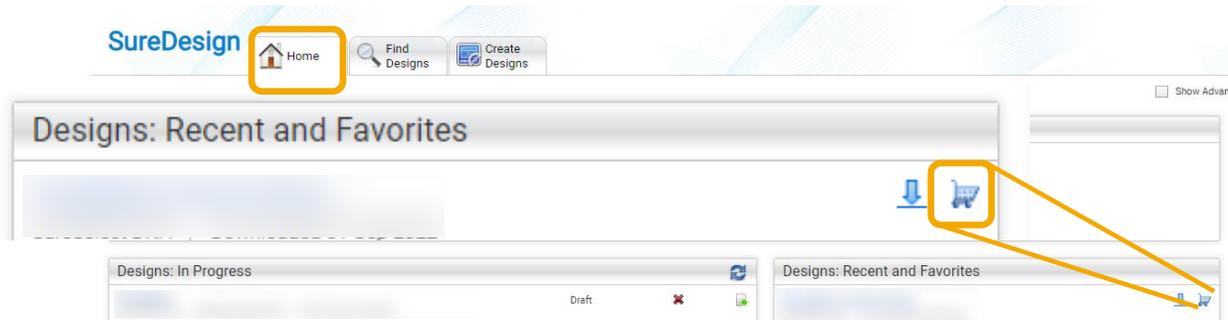
<http://www.chem-agilent.com/contents.php?id=1002474>

# オーダー（見積依頼）

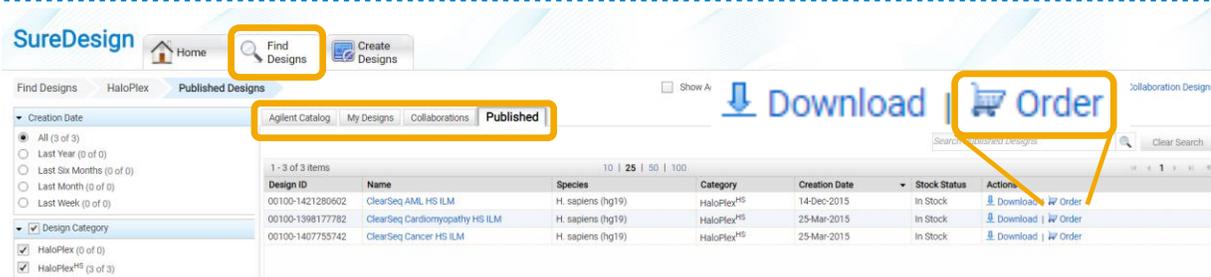
1) 見積画面に進むには、3つの方法があります。下記方法 A、B、C のいずれかで見積画面に入ります。



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



**方法 B** ; 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】の中から該当するデザインの Order ボタンをクリックします。



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

## 2) 見積内容を設定します。

SureDesign Help - Order

HaloPlex Order

Design Name: [Redacted]

Design ID: [Redacted]

\* Quantity:

Sequencing Platform: Illumina

Automation Kit:

Sample size:

Design Part Number: G9901C

Note: HaloPlex designs are not compatible with HaloPlex<sup>HS</sup>. Please re-design this library as a HaloPlex<sup>HS</sup> library if you wish to upgrade your platform.

Workgroup Name: [Redacted]

Company: [Redacted]

Company: [Redacted]

You are currently logged in as [Redacted]

SureDesign will be transferred to the Agilent Genomics page. You must be logged in to see your discounted prices.

To check out, click the Add to Cart button. If you are not logged in, you will be prompted to log in. If you are logged in, you will be prompted to confirm your purchase. If you are not logged in, you will be prompted to create an account.

- 数量 : 注文するデザインキットの個数を設定します。  
(例えば 96 reaction 反応の試薬を 2 セット頼む場合、ここは 2 を入力します。)
- 自動化キット :  
お使いの自動化キットがある場合は選択します。
- サンプルサイズ : キットの 1 キットあたりのサンプル数を選択します。  
左図の 48 とは、一種類のデザインを 48 サンプルの解析にしようすることを意味します。  
(例えば 48 reaction の試薬を 2 セット購入する場合、  
Sample Size は 48 を選択し、Quantity を 2 と入力します)

SureDesign Help - Order

HaloPlex Order

Design Name: [Redacted]  
Design ID: [Redacted]  
\* Quantity: 1  
Sequencing Platform: Illumina  
Automation Kit:   
Sample size: 48  
Design Part Number: G9901C

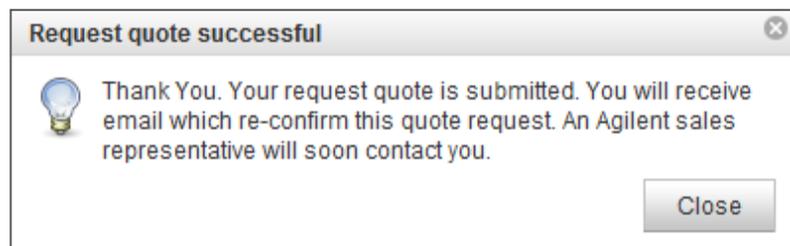
Note: HaloPlex designs are not compatible with HaloPlex<sup>HS</sup>. Please re-design this library as a HaloPlex<sup>HS</sup> library if you wish to upgrade your platform.

Workgroup Name  
Company Name  
Company Number

You are currently logged into SureDesign.  
SureDesign shares a shopping cart with the Agilent Genomics website. To purchase online, you also need to be registered with that site.  
To check-out, click the cart icon, and you will be transferred to the Agilent Genomics page. You must be logged in to see your discounted prices.

Add to Cart Request a Quote Cancel

- 3) 【見積の依頼】ボタンをクリックします。  
\*【カートに追加】ボタンは日本ではご利用いただけません。



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

## SureDesign: Request for quote

---

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

### Design Details

Design ID: [REDACTED]

Design Name: [REDACTED]

Species: H. sapiens

### Kit Details

Sequencing Platform: Illumina

# Samples: 48

Quantity: 1

Design Part Number: G9901C



標準納期は  
発注後約6～8週間です。

5) 見積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: Request for quote for HaloPlex kit received

内容 ; デザイン情報および見積依頼で設定いただいた内容

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

# お問い合わせ先

## ● SureDesign に関するサポートお問い合わせ窓口

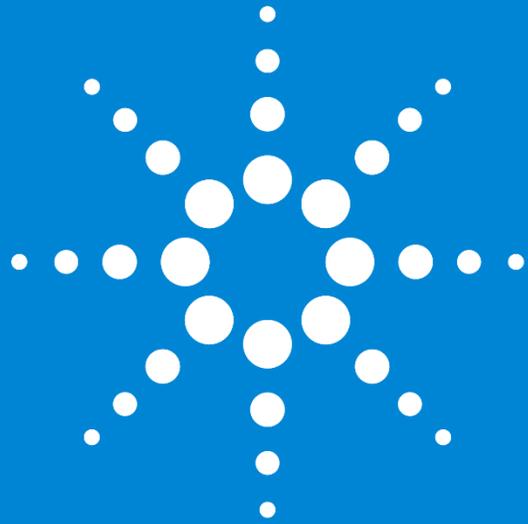
TEL: 0120-477-111

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

電話・メール受付時間：土・日・祝祭日・5/1を除く、9:00～12:00 および 13:00～17:00

※ 「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。



# Agilent

Trusted Answers