

**ABI PRISM<sup>®</sup>**  
**SeqScape<sup>®</sup> ソフトウェア**  
**Version 2.1**

**ユーザーガイド**

© Copyright 2004, Applied Biosystems. All rights reserved.

研究用のみに使用できます。診断目的およびその手続き上での使用は出来ません。

Information in this document is subject to change without notice. Applied Biosystems assumes no responsibility for any errors that may appear in this document. This document is believed to be complete and accurate at the time of publication. In no event shall Applied Biosystems be liable for incidental, special, multiple, or consequential damages in connection with or arising from the use of this document.

SeqScape software has not undergone specific validation for human identification applications. Human identification laboratories must perform their own validation studies.

#### Notice to Purchaser: License Disclaimer

Purchase of this software product alone does not imply any license under any process, instrument or other apparatus, system, composition, reagent or kit rights under patent claims owned or otherwise controlled by Applied Biosystems, either expressly, or by estoppel.

The ABI PRISM® 3100 Genetic Analyzer includes patented technology licensed from Hitachi, Ltd. as part of a strategic partnership between Applied Biosystems and Hitachi, Ltd., as well as patented technology of Applied Biosystems.

#### TRADEMARKS:

Applied Biosystems, BigDye, GeneMapper, ABI PRISM and its design are registered trademarks and AB (Design), Applied, POP-4, POP-5, POP-6, and POP-7 are trademarks of Applied Biosystems or its subsidiaries in the US and/or certain other countries.

Windows is a registered trademark of Microsoft Corporation.

Macintosh is a registered trademark of Apple Computer, Inc.

Pentium is a registered trademark of Intel Corporation.

All other trademarks are the sole property of their respective owners.

製品の仕様・外観は改良のため予告なしに変更される場合があります。

08/2004

# 目次

## まえがき

|                |      |
|----------------|------|
| このマニュアルの使い方    | xiii |
| このマニュアルの表記法    | xiv  |
| 職場環境の安全性       | xv   |
| 詳細情報の入手方法      | xvi  |
| サービスとサポートの入手方法 | xvi  |

## 第1章 ABI PRISM SeqScape ソフトウェアの概要

|                                |     |
|--------------------------------|-----|
| SeqScape ソフトウェア v2.1 の新機能      | 1-2 |
| v2.1 の新機能                      | 1-2 |
| SeqScape ソフトウェアの従来バージョンのユーザへ   | 1-3 |
| v2.0 の機能                       | 1-3 |
| SeqScape ソフトウェアについて            | 1-4 |
| ジェネティック アナライザ アプリケーション         | 1-4 |
| SeqScape ソフトウェアの用途             | 1-4 |
| SeqScape ソフトウェアによるデータのリシーケンシング | 1-4 |
| リシーケンシング プロジェクトのデータ ソース        | 1-5 |
| 自動解析のレベル                       | 1-5 |
| ソフトウェアの実行内容                    | 1-5 |
| ソフトウェアによる解析方法                  | 1-6 |

## 第2章 はじめに

|                                             |     |
|---------------------------------------------|-----|
| アドミニストレータ：ソフトウェアの登録                         | 2-2 |
| ライセンスと保証                                    | 2-2 |
| ソフトウェアの登録                                   | 2-2 |
| 必要なハードウェアおよびソフトウェア                          | 2-3 |
| 必要なシステム                                     | 2-3 |
| ハード ドライブ パーティション                            | 2-3 |
| SeqScape ソフトウェアのバージョン                       | 2-4 |
| ソフトウェアのインストール準備                             | 2-5 |
| フル バージョンを初めてインストールする                        | 2-6 |
| SeqScape ソフトウェア v1.0、1.1、または 2.0 からのアップグレード | 2-7 |
| アップグレードについて                                 | 2-7 |
| v2.1 へのアップグレード                              | 2-7 |
| 既存ユーザ                                       | 2-7 |

|                                        |      |
|----------------------------------------|------|
| SeqScape ソフトウェアの削除 .....               | 2-8  |
| アンインストール プロセスの処理 .....                 | 2-8  |
| ソフトウェアの削除 .....                        | 2-8  |
| SeqScape ソフトウェアを初めて起動する .....          | 2-9  |
| 作業を開始する前に .....                        | 2-9  |
| ファイル命名規則 .....                         | 2-9  |
| SeqScape ソフトウェアの起動 .....               | 2-9  |
| 新規ユーザの作成 .....                         | 2-11 |
| Authentication（認証）& Audit（監査）の設定 ..... | 2-12 |
| ユーザ情報の変更 .....                         | 2-14 |
| デフォルト ディレクトリの設定 .....                  | 2-15 |
| 新規ユーザによる最初のログイン .....                  | 2-16 |
| 新規ユーザのログイン .....                       | 2-16 |
| SeqScape ソフトウェアの構造 .....               | 2-17 |
| 「SeqScape Manager」ウィンドウ .....          | 2-17 |
| 「Project」ウィンドウ .....                   | 2-18 |
| SeqScape ソフトウェアのツールバー .....            | 2-19 |
| SeqScape のメイン ウィンドウのメニュー .....         | 2-21 |
| ワークフロー .....                           | 2-23 |

## 第 3 章      Analysis Defaults および Display Settings の作成

|                                              |      |
|----------------------------------------------|------|
| この章のワークフロー .....                             | 3-2  |
| Analysis Defaults の設定 .....                  | 3-3  |
| Analysis Protocol の作成 .....                  | 3-3  |
| Analysis Protocol Editor のタブ .....           | 3-4  |
| Basecall の設定の指定 .....                        | 3-4  |
| ミックス ベースの設定の指定 .....                         | 3-6  |
| Clear Range の指定 .....                        | 3-6  |
| フィルタリングの設定の指定 .....                          | 3-8  |
| Analysis Settings の指定 .....                  | 3-9  |
| ギャップ ペナルティとエクステンション ペナルティ .....              | 3-9  |
| Analysis Defaults の設定 .....                  | 3-10 |
| サンプルごとの Analysis Defaults Settings の選択 ..... | 3-12 |
| Display Settings の指定 .....                   | 3-13 |

## 第 4 章      リファレンス データ グループの作成

|                                        |     |
|----------------------------------------|-----|
| この章のワークフロー .....                       | 4-2 |
| リファレンス データ グループ (RDG) .....            | 4-3 |
| リファレンス データ グループについて .....              | 4-3 |
| GenBank の機能 .....                      | 4-3 |
| GenBank ファイルのダウンロード .....              | 4-4 |
| 新規のリファレンス データ グループ (RDG) の作成について ..... | 4-4 |



|                                          |      |
|------------------------------------------|------|
| ウィザードを使用した新規 RDG の作成                     | 4-5  |
| ウィザードを使用したソフトウェアの理解                      | 4-5  |
| リファレンス セグメントの設定                          | 4-7  |
| SeqScape Manager を使用した新規 RDG の作成         | 4-9  |
| 作業を開始する前に                                | 4-9  |
| SeqScape Manager からの RDG の作成             | 4-9  |
| リファレンス シーケンスについて                         | 4-9  |
| リファレンス セグメントのインポート                       | 4-10 |
| 対象領域 (ROI) の定義                           | 4-12 |
| ROI の定義                                  | 4-12 |
| リファレンス セグメントのペースト                        | 4-12 |
| ROI またはレイヤの削除                            | 4-12 |
| リファレンス セグメントの削除                          | 4-12 |
| 「ROI」タブの説明                               | 4-14 |
| 「Layer」ペインの機能                            | 4-14 |
| 「ROI」ペイン                                 | 4-14 |
| 「ROI」ペインのカラム                             | 4-15 |
| ライブラリの作成                                 | 4-16 |
| ライブラリについて                                | 4-16 |
| アライメントされた FASTA ファイルの使用                  | 4-16 |
| ツールを使用したファイルのアライメント                      | 4-16 |
| ライブラリの設定                                 | 4-17 |
| 新規レイヤの作成                                 | 4-19 |
| シーケンスへのリファレンス ブレークの追加                    | 4-21 |
| RDG へのバリエーションの決定                         | 4-23 |
| NT バリエーションについて                           | 4-23 |
| 新規 NT バリエーションの作成                         | 4-23 |
| タブで区切られた形式の NT バリエーションのインポート             | 4-25 |
| アライメントされたコンセンサス シーケンスからの RDG の作成         | 4-26 |
| RDG の作成について                              | 4-26 |
| アライメントされた FASTA ファイルからの NT バリエーションのインポート | 4-26 |
| 新規 AA バリエーションの入力                         | 4-27 |
| AA バリエーションのインポート                         | 4-28 |
| バリエーションへのスタイルの割当て                        | 4-29 |
| RDG のコピーの保存                              | 4-31 |
| RDG の保存による他のプロジェクトでの利用                   | 4-31 |
| 「Save To Manager As」ボタン                  | 4-31 |

## 第 5 章 Project Template の作成

|                             |     |
|-----------------------------|-----|
| この章のワークフロー                  | 5-2 |
| Project Template の作成        | 5-3 |
| 新規 Project Template の作成について | 5-3 |
| 新規 Project Template の作成     | 5-3 |
| プロジェクトの構成項目の保存              | 5-4 |

|                               |     |
|-------------------------------|-----|
| テンプレートの構成項目の保存について .....      | 5-4 |
| プロジェクト内でのテンプレートの構成項目の保存 ..... | 5-4 |
| プロジェクト内での設定の変更例 .....         | 5-4 |

## 第 6 章 プロジェクトの作成と解析

|                                            |      |
|--------------------------------------------|------|
| この章のワークフロー .....                           | 6-2  |
| プロジェクトの作成を開始する前に .....                     | 6-2  |
| 解析で実行される処理 .....                           | 6-3  |
| 新規プロジェクトの作成および解析 .....                     | 6-3  |
| New Project ウィザードを使用したプロジェクトの作成および解析 ..... | 6-4  |
| New Project ウィザード .....                    | 6-4  |
| Project Template を使用した新規プロジェクトの作成と解析 ..... | 6-8  |
| Project Template について .....                | 6-8  |
| テンプレートを使用した新規プロジェクトの作成 .....               | 6-8  |
| プロジェクトへのスペシメンの追加とデータのインポート .....           | 6-9  |
| 概要 .....                                   | 6-9  |
| スペシメンの追加とサンプルのインポートの自動実行 .....             | 6-9  |
| スペシメンの追加とサンプルのインポートの手動実行 .....             | 6-11 |
| スペシメンの追加とデータ ファイルのインポート .....              | 6-12 |
| テキストのみのファイルのインポート .....                    | 6-15 |
| サンプルまたはスペシメンの削除 .....                      | 6-16 |
| データの解析 .....                               | 6-16 |
| 解析の実行 .....                                | 6-16 |
| 別の Project Template を使用したプロジェクトの再解析 .....  | 6-17 |
| この操作が必要な場合 .....                           | 6-17 |
| 再解析前のプロジェクトの保存 .....                       | 6-17 |
| 既存プロジェクトへのテンプレートの適用 .....                  | 6-17 |
| プロジェクト RDG へのバリエーションの統合 .....              | 6-19 |
| バリエーション シーケンスの統合について .....                 | 6-19 |
| 単一の未知のバリエーションを既知のバリエーションに変更する .....        | 6-19 |
| 複数の未知のバリエーションの変更 .....                     | 6-20 |
| バリエーションのインポート .....                        | 6-21 |
| プロジェクトでの新規バリエーションの作成 .....                 | 6-21 |
| プロジェクトへのバリエーションの追加 .....                   | 6-23 |
| プロジェクトへのバリエーションのインポート .....                | 6-24 |
| プロジェクト情報のインポートとエクスポート .....                | 6-26 |
| インポートとエクスポートについて .....                     | 6-26 |
| SeqScape Manager からのインポート .....            | 6-26 |
| SeqScape Manager からのエクスポート .....           | 6-26 |

## 第 7 章 結果の表示

|                            |      |
|----------------------------|------|
| この章のワークフロー                 | 7-2  |
| プロジェクト データについて             | 7-3  |
| 表示形式                       | 7-3  |
| データの表示法                    | 7-3  |
| Quality Value の表示          | 7-3  |
| プロジェクト データのエクスポートと印刷       | 7-3  |
| Project ビュー                | 7-4  |
| Project ビューの表示             | 7-4  |
| Specimen ビュー               | 7-8  |
| Segment ビュー                | 7-9  |
| Segment ビューの表示             | 7-9  |
| Sample ビュー                 | 7-12 |
| Sample ビューの表示              | 7-12 |
| バリエーションの表示                 | 7-15 |
| データの保存                     | 7-15 |
| レポートについて                   | 7-16 |
| レポートの種類                    | 7-16 |
| レポートのエクスポートと印刷             | 7-16 |
| レポートの表示                    | 7-17 |
| レポートとプロジェクト結果の表示           | 7-18 |
| Analysis QC レポート           | 7-19 |
| Mutations レポート             | 7-20 |
| AA Variants レポート           | 7-22 |
| Specimen Statistics レポート   | 7-23 |
| Sequence Confirmation レポート | 7-24 |
| Base Frequency レポート        | 7-25 |
| Library Search レポート        | 7-26 |
| RDG レポート                   | 7-27 |
| Audit Trail レポート           | 7-28 |
| Genotyping レポート            | 7-29 |
| レポートのカスタマイズ                | 7-32 |
| テキストの設定のカスタマイズ             | 7-32 |
| データ ビューのカスタマイズ             | 7-34 |

## 第 8 章 データの再解析と編集

|                                      |     |
|--------------------------------------|-----|
| この章のワークフロー                           | 8-2 |
| 解析パラメータについて                          | 8-3 |
| はじめに                                 | 8-3 |
| Sample Manager での解析パラメータの表示          | 8-3 |
| Sample Manager での解析パラメータの変更          | 8-5 |
| Sample Manager へのサンプルの追加             | 8-5 |
| Basecaller および DyeSet/Primer ファイルの変更 | 8-5 |

|                                      |      |
|--------------------------------------|------|
| Analysis Protocol の解析パラメータの変更 .....  | 8-6  |
| Analysis Protocol の編集 .....          | 8-6  |
| Analysis Protocol の適用 .....          | 8-8  |
| データの編集 .....                         | 8-9  |
| シーケンスの編集について .....                   | 8-9  |
| データを編集する場合 .....                     | 8-9  |
| サンプルまたはコンセンサス シーケンスの編集 .....         | 8-10 |
| Segment ビューでのコンセンサス シーケンスの編集 .....   | 8-10 |
| サンプルの塩基の編集 .....                     | 8-10 |
| Project ビューでのコンセンサス シーケンスの編集 .....   | 8-11 |
| Clear Range の調整 .....                | 8-12 |
| Clear Range について .....               | 8-12 |
| Clear Range ウィジェットの使用 .....          | 8-13 |
| マウスの使用 .....                         | 8-13 |
| 「Set Clear Range」ダイアログ ボックスの使用 ..... | 8-14 |
| バリエーションの編集 .....                     | 8-15 |
| 手法 1 .....                           | 8-15 |
| 手法 2 .....                           | 8-16 |
| データの保存 .....                         | 8-16 |
| ジェノタイプの追加 .....                      | 8-17 |

## 第 9 章      データおよびレポートのエクスポートと印刷

|                            |      |
|----------------------------|------|
| データ ファイルのエクスポート .....      | 9-3  |
| ファイル名 .....                | 9-3  |
| 形式オプション .....              | 9-3  |
| プロジェクト アライメントのエクスポート ..... | 9-4  |
| スペシメンのエクスポート .....         | 9-5  |
| セグメントのエクスポート .....         | 9-6  |
| サンプルのエクスポート .....          | 9-7  |
| レポートのエクスポート .....          | 9-8  |
| ファイル名 .....                | 9-8  |
| 形式オプション .....              | 9-8  |
| レポートのエクスポート .....          | 9-8  |
| すべてのレポートの自動エクスポート .....    | 9-9  |
| データとレポートの印刷 .....          | 9-10 |
| ヘッダおよびフッタ表示のカスタマイズ .....   | 9-10 |
| サンプル ファイルのビューの印刷 .....     | 9-11 |
| プロジェクトの様々なビューの印刷 .....     | 9-12 |
| レポートの印刷 .....              | 9-13 |

## 第 10 章 サンプルおよびコンセンサスの Quality Value

|                          |       |
|--------------------------|-------|
| Quality Value (QV) の種類   | 10-2  |
| サンプル Quality Value       | 10-3  |
| サンプル Quality Value       | 10-3  |
| サンプル Quality Value の解釈   | 10-3  |
| サンプル スコア                 | 10-4  |
| コンセンサス Quality Value     | 10-5  |
| コンセンサス Quality Value の解釈 | 10-5  |
| コンセンサス スコア               | 10-5  |
| Quality Value の表示        | 10-6  |
| Quality Value の表示のカスタマイズ | 10-6  |
| クオリティ バーと QV の表示         | 10-8  |
| Quality Value を持つ塩基の編集   | 10-9  |
| Quality Value のレポートへの記録  | 10-10 |
| Analysis QC レポート         | 10-10 |
| Mutations レポート           | 10-11 |
| Specimen Statistics レポート | 10-12 |
| Genotyping レポート          | 10-12 |

## 第 11 章 解析の自動化

|                                                 |       |
|-------------------------------------------------|-------|
| SeqScape および Data Collection ソフトウェアの統合          | 11-2  |
| 概要                                              | 11-2  |
| ソフトウェアの関係                                       | 11-3  |
| 作業を開始する前に                                       | 11-4  |
| SeqScape ソフトウェアで作成された必要ファイル                     | 11-6  |
| Autoanalysis Manager の起動                        | 11-6  |
| Data Collection ソフトウェアでの必要ファイルの作成               | 11-7  |
| 詳細情報                                            | 11-7  |
| ファイルがすでに存在する場合                                  | 11-7  |
| Instrument Protocol の作成                         | 11-7  |
| Analysis Protocol の作成                           | 11-9  |
| Results Group の作成                               | 11-11 |
| プレート レコードの作成                                    | 11-14 |
| プレート レコードの完成                                    | 11-15 |
| ランのスケジュールと開始                                    | 11-17 |
| Autoanalysis Manager の理解                        | 11-19 |
| 概要                                              | 11-19 |
| 作成されたファイル                                       | 11-19 |
| コンポーネント                                         | 11-19 |
| 「General」タブ                                     | 11-19 |
| 「SeqScape 2.1」タブ                                | 11-20 |
| Data Collection ソフトウェアと SeqScape ソフトウェアでのファイル共有 | 11-21 |

## 付録 A Basecaller と DyeSet/Primer ファイル

|                                                  |      |
|--------------------------------------------------|------|
| 定義と命名                                            | A-2  |
| Basecaller アルゴリズム                                | A-2  |
| DyeSet/Primer ファイル                               | A-2  |
| DyeSet/Primer ファイル名規約                            | A-2  |
| Basecaller と DyeSet/Primer の互換性                  | A-4  |
| ABI PRISM 310 ジェネティック アナライザ ファイル                 | A-5  |
| ABI PRISM377 DNA Sequencer ファイル                  | A-7  |
| ABI PRISM3100 ジェネティック アナライザ ファイル                 | A-8  |
| ABI PRISM 3100-Avant ジェネティック アナライザ ファイル          | A-10 |
| ABI PRISM 3700 DNA Analyzer ファイル                 | A-12 |
| Applied Biosystems 3730/3730xI DNA Analyzer ファイル | A-13 |

## 付録 B よくある質問 (FAQ)

|                                          |      |
|------------------------------------------|------|
| アップグレードに関する FAQ                          | B-2  |
| トレーニングと資料に関する FAQ                        | B-2  |
| SeqScape ソフトウェアの基礎に関する FAQ               | B-3  |
| SeqScape ソフトウェアの全般に関する FAQ               | B-4  |
| SeqScape Manager に関する FAQ                | B-7  |
| ライブラリに関する FAQ                            | B-12 |
| ミューテーション、バリエーション、HIM、HFM の検出に関する FAQ     | B-13 |
| データ解析に関する FAQ                            | B-13 |
| アナリシス レポートに関する FAQ                       | B-15 |
| Quality Value に関する FAQ                   | B-16 |
| 結果の印刷とエクスポートに関する FAQ                     | B-17 |
| オーディット トレーリング、セキュリティ、アクセス コントロールに関する FAQ | B-18 |

## 付録 C 翻訳表

|                                    |     |
|------------------------------------|-----|
| IUPAC/IUB コード                      | C-2 |
| IUPAC Diagram                      | C-2 |
| 相補鎖                                | C-3 |
| 普遍的遺伝子コード (Universal Genetic Code) | C-4 |
| アミノ酸の略語                            | C-5 |

## 付録 D ユーザの権限

|         |     |
|---------|-----|
| ユーザ権限の表 | D-1 |
|---------|-----|

## 付録 E アライメントされたバリエーションと FASTA ファイル形式

|                            |     |
|----------------------------|-----|
| タブで区切られたファイル .....         | E-2 |
| バリエーションのテキスト ファイルの作成 ..... | E-2 |
| FASTA ファイル形式 .....         | E-3 |
| FASTA 形式の説明 .....          | E-3 |
| FASTA 形式の例 .....           | E-3 |
| IUB/IUPAC コード .....        | E-4 |
| サポートされる核酸コード .....         | E-4 |
| サポートされるアミノ酸コード .....       | E-5 |

## 付録 F マルチ アライメント FASTA ファイルの作成

|                                                          |     |
|----------------------------------------------------------|-----|
| はじめに .....                                               | F-2 |
| 方法 1: SeqScape ソフトウェアを使用したマルチ アライメント FASTA ファイルの作成 ..... | F-3 |
| マルチ アライメント FASTA ファイルの作成 .....                           | F-3 |
| SeqScape ソフトウェアでのライブラリの作成 .....                          | F-3 |
| 方法 2: ClustalX ソフトウェアを使用したマルチ アライメント FASTA ファイルの作成 ..... | F-4 |
| ClustalX ソフトウェアの入手 .....                                 | F-4 |
| マルチ アライメント FASTA ファイルの作成 .....                           | F-4 |
| .gde ファイルの文字の編集 .....                                    | F-6 |
| SeqScape ソフトウェアでのライブラリの作成 .....                          | F-6 |

## 付録 G Software Warranty

|                                      |     |
|--------------------------------------|-----|
| Computer Configuration .....         | G-1 |
| Limited Product Warranty .....       | G-1 |
| Limited Warranty .....               | G-1 |
| Warranty Period Effective Date ..... | G-1 |
| Warranty Claims .....                | G-1 |
| Warranty Exceptions .....            | G-2 |
| Warranty Limitations .....           | G-2 |

## 用語集

## 索引





# まえがき

---

## このマニュアルの使い方

- |                |                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|----------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| このマニュアルの目的     | Applied Biosystems の『ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 ユーザ ガイド』では、このソフトウェアの使用手順を詳しく説明します。                                                                                                                                                                                                           |
| 対象読者           | このマニュアルは、リシーケンシングを行う初心者および熟練解析者を対象にしています。                                                                                                                                                                                                                                                          |
| 前提条件           | このマニュアルでは、Windows® オペレーティング システム、インターネット、および Web ベースのブラウザに関する実践知識を前提とした表記法と用語を使用しています。                                                                                                                                                                                                             |
| 作業を開始する前に必要な知識 | SeqScape® ソフトウェア v2.1 および資料を最大限に活用するには、次の知識が必要です。 <ul style="list-style-type: none"><li>• Microsoft® Windows® XP Service Pack 1 または Microsoft® Windows® 2000® Service Pack 3 オペレーティング システム</li><li>• インターネットおよび Web ブラウザの用語</li><li>• DNA シーケンスの検出および解析手法</li><li>• DNA およびアミノ酸のコーディング規約</li></ul> |

# このマニュアルの表記法

**表記法** このマニュアルでは、次の表記法を使用しています。

- **太字**は、ユーザの行う操作を示します。たとえば、次のとおりです。  
残りの各フィールドについて、**0**を入力し、[Enter] キーを押します。
- 資料および CD のタイトルは、カッコ書きで表記しています。たとえば、次のとおりです。  
「ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 ユーザ ガイド」
- **ゴシック体**は、初出または重要な語を示し、強調しています。
- 右三角カッコ (>) は、ドロップダウン メニューまたはショートカット メニューで連続して選択するコマンドを区切って示しています。たとえば、次のとおりです。  
「File」> 「Open Project」を選択します。  
サンプル行を右クリックし、「View Filter」> 「View All Runs」を選択します。

**ファイル名規約** 一部の英数文字は、ユーザ名またはファイル名に有効ではありません。無効な文字は次のとおりです。

スペース  
\\/:\*?<>|

**ユーザへの注意事項** Applied Biosystems ユーザ マニュアルでは、2 種類の注意事項が記載されています。各注意事項は、次のような特定のレベルの注意と対応が必要なことを示しています。

**注：** 製品を使用する上で役に立ちますが、必須ではない情報を記述しています。

**重要！** ソフトウェアを正しく操作するために必要な情報を記述しています。

ユーザへの注意事項の例を次に示します。

**注：** リファレンス セグメントの名前は編集できません。

**重要！** RDG が完成するまで「OK」をクリックしないでください。

**安全に関する表記法** **注意を促す語句**

Applied Biosystems ユーザ マニュアルでは、関連する危険に対して注意が必要な箇所に、4 種類の注意を促す語句を表示しています。それぞれの語句は、警告の程度を表します。

**注意を促す語句の定義**

**重要！** - 装置の適切な操作、ケミストリ キットの正しい使用、化学物質の安全な使用に必要な情報を示します。

 **注意** - 回避しないと、軽傷または中程度の障害を招くことがある潜在的に危険な状況を示します。危険な行為に対して警告するときにも使用されます。

 **警告** - 回避しないと、死亡または重傷を招く可能性がある潜在的に危険な状況を示します。

 **危険** - 回避しないと、死亡または重傷を招く切迫した危険な状況を示します。この語句が使用されるのは、極度に危険な状況に限られます。

## 例

重要、注意、および警告の注意を促す語句の使用例を次に示します。

**重要！** サンプル名、ランフォルダ名、パス名に使用できる文字数は、**合計で 250 文字未満**です。



**注意** 筋骨格系および反復動作による障害の危険。これらの危険は、反復動作、不自然な姿勢、激しい労作、不健康な位置での静止状態、接触圧力などの職場環境要素を含みますが、これらに限定されない潜在的な危険要素によっても引き起こされるものです。



**警告** 補助人員なしに、コンピュータやモニタの移動や持上げ作業を行わないでください。コンピュータやモニタの重量によっては、移動や持上げに 2 名またはそれ以上の人員を要します。

## 職場環境の安全性

正しい人間工学に基づいて職場環境を配置することにより、疲労や痛み、緊張を軽減し、予防できます。職場環境を正しく配置することで、これらの苦痛を軽減し、自然でリラックスできる作業ポジションを推進してください。



**注意** 筋骨格系および反復動作による障害の危険。これらの危険は、反復動作、不自然な姿勢、激しい労作、不健康な位置での静止状態、接触圧力などの職場環境要素を含みますが、これらに限定されない潜在的な危険要素によっても引き起こされるものです。

筋骨格系および反復動作による障害の危険を最小限にするために、次の事柄を遵守してください。

- 自然な作業ポジションで身体を楽に支える機器を使用し、キーボード、モニタ、マウスに快適に手が届くようにします。
- キーボード、マウス、モニタを適切な位置に配置し、身体と頭部の姿勢がリラックスするようにします。

## 詳細情報の入手方法

**関連資料** このソフトウェアには、次の関連資料が同梱されています。

- SeqScape オンラインヘルプ - 一般的なタスクの実行手順について説明しています。ヘルプを利用するには、SeqScape のメイン ウィンドウで「Help」メニューを選択するか、[F1] キーを押してください。
- ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア チュートリアル
- ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア Quick Reference Card

前述の資料のポータブル ドキュメント フォーマット (PDF) 版は、ソフトウェアのインストール CD に収録されています。また、「プログラム」>「Applied Biosystems」>「SeqScape」を選択してアクセスすることもできます。コンピュータに Acrobat Reader がインストールされていない場合は、SeqScape ソフトウェア CD からインストールしてください。pdf ファイルを開くことができます。

**注：** その他の資料については、xvi ページの「サービスとサポートの入手方法」の「サービスとサポートの入手方法」を参照してください。

**連絡先** Applied Biosystems では、弊社のユーザ マニュアルをより使いやすいものにするため、お客様からのご意見、ご要望をお待ちしております。次の電子メール アドレス宛にお送りください。

[jptechsupport@appliedbiosystems.com](mailto:jptechsupport@appliedbiosystems.com)

## サービスとサポートの入手方法

すべての地域における最新サービスおよびサポート情報を入手するには、<http://www.appliedbiosystems.co.jp> にアクセスし、「カスタマーサポート」タブをクリックしてください。

「カスタマーサポート」ページでは、次のことが可能です。

- よくある質問 (FAQ) を検索する
- テクニカル サポートに質問を直接送信する
- Applied Biosystems ユーザ マニュアル、MSDS、解析証明、およびその他の関連資料を注文する
- PDF 文書をダウンロードする
- 顧客トレーニングに関する情報を入手する
- ソフトウェア アップデートおよびパッチをダウンロードする

さらに、「テクニカルサポート」ページには、世界各地の Applied Biosystems テクニカル サービスおよびサポート機関の連絡先電話番号やファックス番号も掲載されています。

# ABI PRISM SeqScape ソフトウェアの 概要

---

# 1

この章では、次の項目について説明します。

|                                    |     |
|------------------------------------|-----|
| SeqScape ソフトウェア v2.1 の新機能 .....    | 1-2 |
| SeqScape ソフトウェアの従来バージョンのユーザへ ..... | 1-3 |
| SeqScape ソフトウェアについて.....           | 1-4 |

## SeqScape ソフトウェア v2.1 の新機能

**v2.1 の新機能** ABI PRISM®SeqScape® ソフトウェア v2.1 には、次の新機能と拡張機能が組み込まれています。

- 最適化
  - より高速なプロジェクトの読み込みおよびインポートによる時間の短縮
  - 33% 高速になった解析時間
- データ解析
  - **自動解析** Applied Biosystems 3730/3730xl Data Collection ソフトウェア v2.0 および ABI PRISM® 3100/3100-Avant Data Collection ソフトウェア v2.0 に自動解析機能が統合されました。
  - **M13 プライマー トリミング**。PCR プロダクトから M13 Universal プライマー シーケンスをトリミングします。
  - **3'Clear Range のトリミング**。PCR プライマー シーケンスをトリミングします。
  - **新しい Basecaller**。KB Basecaller は、単一の塩基およびミックスベースを検出し、ABI PRISM® 310、3100 および 3100-Avant システム、Applied Biosystems 3730 および 3730xl システムで作成されたデータに Quality Value を割り当てます。
- Microsoft® Windows® XP SP1 OS との互換性
- レポート
  - **NT Mutations レポート**。各ミューテーションのアミノ酸配列に対する影響が表示され、ヌクレオチド バリエーションがアミノ酸バリエーションに（またはその逆に）リンクされます。
  - **新しい Genotyping レポート**。プロジェクト内のすべてのスペシメンで 1 つまたは複数の位置に存在するジェノタイプが特定され、対象のシーケンスに基づいて、期待されるカバレッジに対するサンプルのカバレッジが表示されます。7-29 ページを参照してください。
  - **Specimen Statistics レポート**。サンプルのリファレンスにおける Clear Range の位置がセグメントに示されます。
  - **Amino Acid レポート**。アミノ酸の名前をフルネームまたは 3 文字の記号で表示することができます。
- スペシメンのヘテロ接合挿入 / 欠損ミューテーション (HIM) の検出
  - Mutations レポートに HIM のリストが表示されます。
- アミノ酸アライメントをヌクレオチド アライメントと結合可能
- Sequence Collector/BioLIMS ソフトウェアはサポートされなくなった

# SeqScape ソフトウェアの従来バージョンのユーザへ

**v2.0 の機能** SeqScape ソフトウェア v2.0 には、次の機能が組み込まれました。

- **拡張リファレンス データ グループ。** SeqScape ソフトウェア v2.0 には、拡張リファレンス データ グループ (RDG) が組み込まれています。RDG には、既知のリファレンス シーケンスと既知のヌクレオチドまたはアミノ酸バリエーションが含まれます。ソフトウェアの新たなバージョンで使用可能になった RDG では、単純または複雑なプロジェクトの解析が可能です。

RDG では、リファレンス シーケンスとして次のシーケンスを使用できます。

- 単一のリーディング フレームを持つ連続したリファレンス シーケンス
- 複数のリーディング フレームを持つ連続したリファレンス シーケンス
- 複数のリファレンス セグメントで構成されるリファレンス セグメント。各セグメントは、ゲノム内の複数の位置から抽出することができます。

リファレンス シーケンスには、エクソン、イントロン、スプライス ジャンクション、プライマー結合部位、およびプロモータ領域を含めることができます。

- **ヘテロ接合挿入 / 欠損突然変異。** SeqScape は、このバリエーションが存在する可能性を検出します。これらのバリエーションの検出には、通常、熟練したアナリストやサイエンティストによるマニュアルでの確認が必要です。
- **ライブラリ検索。** 各コンセンサス シーケンスをシーケンス ライブラリと比較し、最も一致するジェノタイプ、アレル、またはハプロタイプを特定することができます。
- **拡張されたレポート。** レポートをカスタマイズすることができます。レポートに表示される各バリエーションは、シーケンス データにリンクされるため、結果からデータへと素早く移動することができます。結果レポートにより、結果をマニュアルで記録する必要がなくなります。どのレポートも、自動的にソートおよび再編成することが可能です。
- **パスワード保護とオーディット トレール。** このソフトウェアは、パスワード保護、ソフトウェアが非アクティブな場合の自動ロックアウト、および 3 レベルのアクセス コントロールによりデータを保護します。オーディット トレールでは、マニュアルでの挿入、削除、または塩基の修正とその変更理由がそれぞれ記録されます。
- **統合の自動化。** このソフトウェアでは、Applied Biosystems 3730/3730xl 装置での自動解析のためのサンプル設定プロセスが改善されました。
- **新しい Basecaller。** KB Basecaller は、ミックスベースまたは単一の塩基を検出し、サンプル Quality Values を作成する新たなアルゴリズムです。一方、ABI Basecaller は、Sequencing Analysis ソフトウェアで使用されるアルゴリズムです。
- **ABI Basecaller のみによるベースコーリングは使用不可。** SeqScape ソフトウェア v1.1 では、データをベースコーリングする方法を ABI Basecaller または ABI Basecaller と TraceTuner™ ソフトウェアから選択することができます。v2.0 では、ABI Basecaller のみを使用してベースコーリングすることはできません。新規オプションは次のとおりです。
  - ABI および TraceTuner ソフトウェアによる Basecall (自動)
  - KB Basecaller による Basecall
- **暗黙的なリファレンスは使用不可。** SeqScape ソフトウェア v1.1 では、空白の RDG を作成し、最初のスペシメンを暗黙的なリファレンス シーケンスとして使用することができますが、v2.0 ではこのような操作は行えません。ただし、RDG を作成し、.ab1 サンプル ファイルをリファレンス シーケンスとして追加することは可能です。

## SeqScape ソフトウェアについて

### ジェネティック アナライザ アプリケーション

SeqScape ソフトウェアは、装置の制御、データの取り込み、自動解析の管理を行うために設計された、一連の Applied Biosystems ジェネティック アナライザ ソフトウェア アプリケーションの 1 つです。データの取り込みと解析を実行するソフトウェア システムには、次のものがあります。

- GeneMapper® ソフトウェア - フラグメント 解析 メソッドを使用してジェノタイピングを実行します。
- ABI PRISM® Sequencing Analysis ソフトウェア - シーケンシング ファイルを表示、解析、編集、および印刷します。
- ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア - バリエーションの検出、SNP の発見、および SNP の確認のためシーケンスを比較します。

### SeqScape ソフトウェアの用途

リシーケンシングの一般的な用途は、次のとおりです。

- SNP の発見と確認
- ミューテーションの解析とヘテロ接合体の検出
- ミュータジェネシスまたはクローン構築研究に向けたシーケンス確認
- ライブラリからのジェノタイプ、アレル、またはハプロタイプの検出。

### SeqScape ソフトウェア によるデータの リシーケンシング

SeqScape ソフトウェアでは、リシーケンシングされたデータの解析、コンセンサス シーケンスと既知のリファレンス シーケンスとの比較、およびオプションでシーケンス ライブラリに対する検索を実行できます。

たとえば、単一のリーディング フレームを持つ 1 つの連続したリファレンス シーケンスが含まれる単純なプロジェクトがあり、既知のヌクレオチド バリエーションまたはアミノ酸バリエーション情報がない場合、SeqScape ソフトウェアは、コンセンサス シーケンスをこのリファレンス シーケンスと比較し、違いを検出します。

複数のエクソンおよびイントロンを表す複数のリファレンス セグメントから構成されたリファレンス シーケンスが含まれるより複雑なプロジェクトの場合、SeqScape ソフトウェアを使用して次の操作を実行することができます。

- リファレンス シーケンス機能の複数のグループで構成される固有なシーケンス レイヤを構成する
- コンセンサス シーケンスを固有な各レイヤと比較する
- 違いを検出する
- シーケンスをシーケンスのライブラリと比較し、最も一致するマッチを検出する



## リシーケンシング プロジェクトの データ ソース

SeqScape ソフトウェアでは、次のシステムから作成されたシーケンシング データを使用してプロジェクトを作成することができます。

- ABI PRISM® 310 ジェネティック アナライザ
- ABI PRISM® 377 DNA Sequencer
- ABI PRISM® 3100-Avant ジェネティック アナライザ
- ABI PRISM® 3100 ジェネティック アナライザ
- ABI PRISM® 3700 DNA Analyzer
- Applied Biosystems 3730 DNA Analyzer
- Applied Biosystems 3730xl DNA Analyzer

各プロジェクトには、次の情報を含めることができます。

- 未解析のサンプル ファイル (.ab1)
- ベースコールされたサンプル ファイル (.ab1)
- テキスト シーケンス (.seq または .fasta)
- アライメントされたコンセンサス シーケンス

単一のプロジェクトには、1 つまたは複数の装置プラットフォームで作成したサンプル ファイルを含めることができます。ソフトウェアは、データの解析、解析されたプロジェクトの複数のビューの表示、クオリティ管理およびデータ確認用の結果のレポートを実行します。

## 自動解析のレベル

SeqScape ソフトウェアは、次の 2 レベルの解析を実行します。

- バリエント、リファレンス シーケンスと異なる位置を検出し、これらのバリエントを既知または未知として分類する
- アレルまたはハプロタイプのライブラリを検索し、サンプルに最も一致するアレルを特定する

## ソフトウェアの 実行内容

リファレンス シーケンス、ライブラリ、およびサンプル ファイルを追加すると、SeqScape ソフトウェアにより、次の 2 レベルの解析が実行されます。

- ヌクレオチドおよびアミノ酸バリエントの検出。ソフトウェアは、リファレンス シーケンスと異なる位置を検出し、これらのバリエントを既知または未知のバリエントとして分類します。
- ライブラリからのジェノタイプ、アレル、またはハプロタイプの検出。バリエントの検出に加え、ソフトウェアは、ジェノタイプ、アレル、またはハプロタイプのライブラリを検索し、各コンセンサス シーケンスに最も一致するアレルを特定します。

## ソフトウェアによる 解析方法

解析前に、次の情報をシステムに指定します。

- 1 つまたは複数のリファレンス セグメントで構成されるリファレンス シーケンス（バックボーン） および既知のヌクレオチド バリエーション情報またはアミノ酸バリエーション情報（SeqScape ソフトウェアは、バックボーンを使用してすべての多型位置を既知または未知のバリエーションとして分類する）
- アレル ライブラリ（アレルまたはハプロタイプの一連のシーケンス）

リファレンス シーケンス、バリエーション、アレル ライブラリ、およびソフトウェア設定を使用して、再利用可能な Project Template を作成します。SeqScape ソフトウェアは、このテンプレートとシーケンシング サンプルを使用して次の処理を実行します。

- ベースコーリング、Quality Value の割り当て、ミックスベースの検出を、この順序で実行する
- 各シーケンスからクオリティの低い塩基をトリミングする
- クオリティの低いサンプルを特定し、以降の解析から除外する
- 残りのサンプルをリファレンス シーケンスに対してアセンブリし、スペシメン コンセンサス シーケンスを作成する
- ベースコーリングの Quality Value とサンプル アセンブリを確認し、コンセンサス シーケンスの確認と改善、および Quality Value の割り当てを行う
- リファレンス シーケンスに合わせてスペシメン シーケンスをアライメントし、スペシメン コンセンサス シーケンスをリファレンス シーケンスと比較して、バリエーションを検出する
- 9 種類の詳細なレポートを作成する

**注：**ライブラリをプロジェクトにリンクしている場合、ソフトウェアは、さらにライブラリを自動的に検索し、各コンセンサス シーケンスに最も一致するマッチを特定します。

解析が完了すると、ソフトウェアは、サンプル ファイル、各スペシメンのコンセンサス シーケンス、および 9 種類のレポートで構成されるプロジェクト ファイルを作成します。結果は、印刷およびエクスポートが可能です。

# はじめに

---

この章では、次の項目について説明します。

|                                                    |      |
|----------------------------------------------------|------|
| アドミニストレータ：ソフトウェアの登録.....                           | 2-2  |
| 必要なハードウェアおよびソフトウェア .....                           | 2-3  |
| SeqScape ソフトウェアのバージョン .....                        | 2-4  |
| ソフトウェアのインストール準備.....                               | 2-5  |
| フルバージョンを初めてインストールする .....                          | 2-6  |
| SeqScape ソフトウェア v1.0、1.1、または 2.0 からの アップグレード ..... | 2-7  |
| SeqScape ソフトウェアの削除 .....                           | 2-8  |
| SeqScape ソフトウェアを初めて起動する .....                      | 2-9  |
| 新規ユーザによる最初のログイン.....                               | 2-16 |
| SeqScape ソフトウェアの構造 .....                           | 2-17 |
| SeqScape ソフトウェアのツールバー .....                        | 2-19 |
| SeqScape のメイン ウィンドウのメニュー.....                      | 2-21 |
| ワークフロー .....                                       | 2-23 |

## アドミニストレータ：ソフトウェアの登録

この章では、ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 をインストールして使用する前に知っておく必要のある情報について説明します。アドミニストレータは、この節の「アドミニストレータ：ソフトウェアの登録」から 2-9 ページの「SeqScape ソフトウェアを初めて起動する」に記載された手順に従ってください。

**ライセンスと保証** 作業を開始する前に、付録 G「Software Warranty」をお読みください。付録 G では、SeqScape ソフトウェアに関する権利と責務について説明しています。

ソフトウェアをインストールするには、ソフトウェアのインストール プロセスでソフトウェア ライセンス契約の条項に同意する必要があります。

**ソフトウェアの登録** ご使用の SeqScape ソフトウェアを登録するには、登録カード（このソフトウェア パッケージに同梱されています）に記入し、Applied Biosystems までご返送ください。

ソフトウェアを登録すると、Applied Biosystems から、ソフトウェア アップデートの通知や、SeqScape の所有者に固有の最新情報をすべて受信できるようになります。

**重要！** 製品の登録番号は登録カードに記載されています。登録カードをご返送いただく前に、次の欄に登録番号を控えておいてください。

|       |
|-------|
| 登録番号： |
|-------|

## 必要なハードウェアおよびソフトウェア

**必要なシステム** SeqScape ソフトウェアをインストールするコンピュータは、次の表 2-1 に要約された最低限必要な条件を満たしている必要があります。

一般には、システムのメモリ、処理能力が高いほど、プログラムのパフォーマンスが向上します。

表 2-1 必要なシステム

| システム コンポーネント  | 最小要件                                                                                                                                                                                                                                   |
|---------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| CPU           | 733 MHz 以上の Intel Pentium® III または IV プロセッサ<br>このソフトウェアは、デュアル プロセッサまたは Xeon チップセット搭載のコンピュータでは動作しません。                                                                                                                                   |
| CD-ROM ドライブ   | 装備されていること                                                                                                                                                                                                                              |
| オペレーティング システム | Microsoft® Windows® 2000 OS Service Pack 3<br>Microsoft® Windows® XP Service Pack 1                                                                                                                                                    |
| RAM           | 256 MB。512 MB を推奨                                                                                                                                                                                                                      |
| プリンタ          | HP® 4500、8100、990cxi、または Epson® 980 プリンタを推奨                                                                                                                                                                                            |
| モニタ           | 17 インチ以上のモニタを推奨<br>解像度 1024 × 768 以上のモニタを推奨                                                                                                                                                                                            |
| ディスク空き領域      | 1 GB<br>データの保存に必要な空き容量は主に、作成、保存するデータの量によって決まります。<br>一般に、多数の SeqScape ソフトウェア プロジェクト ファイルは解析コンピュータに保存します。<br>SeqScape ソフトウェアは、プログラムのインストール先と同じ領域にデータ ファイルを保存するため、プロジェクトやプロジェクト ファイルを保存するための領域が十分あるパーティションに SeqScape ソフトウェアをインストールしてください。 |

### ハード ドライブ パーティション

インストーラは、SeqScape ソフトウェア ファイルを次の場所にインストールします。

ドライブ名 : \Applied Biosystems\SeqScape

ドライブ名は、次の条件によって決まります。

表 2-2 ドライブ名の決定

| コンピュータの状態                                          | インストーラが選択するドライブ                      |
|----------------------------------------------------|--------------------------------------|
| ジェネティック アナライザに接続されていない                             | D (デフォルト) または<br>C (D ドライブを使用できない場合) |
| ジェネティック アナライザに接続された Data Collection<br>ソフトウェアが存在する | E                                    |

## SeqScape ソフトウェアのバージョン

SeqScape ソフトウェア v2.1 は、次の 4 つのバージョンで提供されています。

| ソフトウェアのバージョン                          | 対象システム                                                                        | 既存データ                                                                                                                                                     |
|---------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| SeqScape ソフトウェア v2.1<br>フル リリース バージョン | SeqScape ソフトウェアが<br>まったくインストールされてい<br>ないか、30 日間限定のデモ<br>バージョンがインストールされ<br>ている | v1.0、1.1、または 2.0 で作成<br>されたデータは v2.1 に移行さ<br>れます。                                                                                                         |
| SeqScape ソフトウェア v2.1<br>アップグレード       | SeqScape ソフトウェア<br>v1.0、1.1、または 2.0 がイン<br>ストールされている                          | v1.0、1.1、または 2.0 で作成<br>されたデータは v2.1 に移行さ<br>れます。                                                                                                         |
| SeqScape ソフトウェア v2.1<br>アップデート        | SeqScape v2.0 がインストー<br>ルされている                                                | v2.0 で作成または保存された<br>データは v2.1 に移行されま<br>す。<br><br><b>重要！</b> アップデートは、<br><b>SeqScape ソフトウェア v1.0</b><br>または <b>1.1</b> がインストールされ<br>ているシステムでは使用できま<br>せん。 |
| SeqScape ソフトウェア v2.1<br>30 日間限定のデモ    | 最小要件を満たしている                                                                   | ソフトウェアが期限切れになる<br>前に、30 日間限定のデモ バ<br>ージョンで作成したすべてのファ<br>イルをエクスポートしてくださ<br>い。エクスポートしたファイル<br>は、SeqScape v2.1 のフル リ<br>リース バージョンにインポー<br>トできます。             |

## ソフトウェアのインストール準備

注：アドミニストレータ (administrator) がソフトウェアをインストールし、最初に使用する必要があります。アドミニストレータは、ソフトウェアをアナリスト (analyst)、サイエンティスト (scientist)、その他のアドミニストレータ ユーザ用に設定することができます。

### インストールの準備をするには

1. システムが最小要件を満たしていることを確認します (2-3 ページの「必要なハードウェアおよびソフトウェア」を参照してください)。

SeqScape ソフトウェアを収容する 1 GB 以上のディスク空き領域、およびプロジェクトとサンプル ファイルをすべて保存するための十分な領域があることを確認します。

2. すべてのウイルス対策ソフトウェアを一時的に終了します。
3. すべてのプログラム (Applied Biosystems 3730/3730xl または ABI PRISM® 3100/3100-Avant Data Collection ソフトウェアを除く) を終了します。

**重要！** Applied Biosystems 3730/3730xl DNA アナライザまたは ABI PRISM® 3100/3100-Avant ジェネティック アナライザに接続されているコンピュータに SeqScape ソフトウェア v2.1 を正しくインストールするためには、**Data Collection ソフトウェアが実行中である必要があります**。Data Collection ソフトウェアが起動していない場合、SeqScape ソフトウェアは Data Service ソフトウェアに認識されません。ファイル共有および自動化の詳細については、第 11 章「解析の自動化」を参照してください。

## フル バージョンを初めてインストールする

このソフトウェアのアドミニストレータが、ソフトウェアをインストールして新規ユーザを設定します。

インストール先のコンピュータが次に該当する場合のみ、この手順に従って SeqScape ソフトウェア v2.1 のフル バージョンをインストールしてください。

- このソフトウェアの以前のバージョンがインストールされていないコンピュータ
- このソフトウェアの 30 日間限定デモ バージョンがインストールされているコンピュータ

**重要！** SeqScape ソフトウェアの 30 日間限定デモ バージョンを使用している場合、30 日間の有効期間が期限切れになる前かつ SeqScape ソフトウェアのフル バージョンを読み込む前に、データをエクスポートしてください。データが失われないようにするには、次の操作を実行してください。

- a. 「Tools」> 「SeqScape Manager」> 「Target Files」を選択し、「Export」をクリックして、データをエクスポートします。
- b. 後述の手順に従ってソフトウェアを読み込みます。
- c. データを再インポートします。

SeqScape ソフトウェアのフル バージョンを初めてインストールするには

1. コンピュータの CD-ROM ドライブに ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 CD を挿入します。
2. インストーラが自動的に起動しない場合は、CD の **setup.exe** をダブルクリックします。
3. 「InstallShield Wizard Complete」ウィンドウが開いたら、「Finish」をクリックします。

ソフトウェアのインストール後、アドミニストレータは最初にソフトウェアにログインする必要があります。初回ログイン後、その他のユーザ用にソフトウェアを設定することができます。



# SeqScape ソフトウェア v1.0、1.1、または 2.0 からの アップグレード

**アップグレードについて** SeqScape ソフトウェア v2.1 インストーラは、次の処理を自動的に実行します。

- 以前のバージョンを検出し、データ フォルダをバックアップする
  - 以前のバージョンを削除し、SeqScape ソフトウェアの新規バージョンをインストールする
- インストーラの指示に従ってください。

**v2.1 へのアップグレード** ソフトウェアをアップグレードするには

1. 適切な SeqScape ソフトウェアのインストール CD をコンピュータの CD-ROM ドライブに挿入します。

| アップグレード前の SeqScape<br>ソフトウェアのバージョン | 挿入する CD のタイトル                                     |
|------------------------------------|---------------------------------------------------|
| 2.0                                | ABI PRISM® SeqScape®ソフトウェア v2.1 <b>Update</b> CD  |
| 1.0 または 1.1                        | ABI PRISM® SeqScape®ソフトウェア v2.1 <b>Upgrade</b> CD |

2. インストーラが自動的に起動しない場合は、**setup.exe** をダブルクリックします。
3. 「SeqScape Registration Code」ダイアログ ボックスで、SeqScape ソフトウェア v2.0 の登録コードを入力します。
4. 指示に従ってソフトウェアをアップグレードします。

ソフトウェアのインストール後、アドミニストレータ（Administrator）ユーザとして登録し、ログインする必要があります。アドミニストレータとしてログイン後、アドミニストレータ（Admin）、サイエンティスト（Scientist）、またはアナリスト（Analyst）権限を持つ追加ユーザを設定することができます。

**既存ユーザ** SeqScape ソフトウェアの以前のバージョンで設定されていたすべての既存ユーザには、Analyst 権限が割り当てられます。ユーザを Scientist または Analyst に変更できるのは、Administrator グループに属するユーザのみです。以前のバージョンで設定されていたユーザが初めて SeqScape ソフトウェア v2.1 を使用するとき、ユーザ プロファイル（名前およびパスワード）を設定するためのダイアログ ボックスが開きます。

## SeqScape ソフトウェアの削除

### アンインストール プロセスの処理

コンピュータから SeqScape ソフトウェア を完全に削除するには、この節に記載された手順に従ってください。アンインストール プロセスでは、次の処理が実行されます。

- SeqScape ソフトウェアによってインストールされたすべてのフォルダとファイルが削除されます。ただし、元のインストール場所から移動した SeqScape ソフトウェアのフォルダやファイルは、アンインストール プロセスによって検出されず、削除されない場合があります。
- ユーザが作成したファイルまたはフォルダは削除しません。アプリケーションの実行時に作成したファイルなど、アプリケーション フォルダに追加されたファイルは、アンインストール プロセスで削除されません。

### ソフトウェアの削除

SeqScape ソフトウェアをアンインストールするには

1. 「Start」> 「Programs」> 「Applied Biosystems」> 「SeqScape」> 「Uninstall SeqScape vx.x」を選択します。
2. 指示に従ってソフトウェアをアンインストールします。

アンインストールが完了した時点で、ソフトウェア プログラム ファイルはすべて削除されています。データ ファイルはコンピュータに残されます。アンインストーラは、インストール後に作成されたフォルダまたはファイルを削除しません。インストール後に作成したフォルダやファイルは、手動で削除する必要があります。

# SeqScape ソフトウェアを初めて起動する

**作業を開始する前に** ソフトウェアを最初に起動したとき、アドミニストレータ アカウントを作成する登録ダイアログ ボックスが表示されます。SeqScape ソフトウェアにアドミニストレータ (Admin) としてログインし、作成したパスワードを入力してください。

新規ユーザを作成するには、Admin としてログインする必要があります。ユーザ名でログインした場合、SeqScape ソフトウェアで各ユーザの各プロジェクトに対して行った作業の経過をたどることができます。

ソフトウェアを使用する各ユーザ カテゴリの権限の詳細については、付録 D「ユーザの権限」を参照してください。

**ファイル命名規則** 一部の英数文字は、ユーザ名またはファイル名に使用できません。使用できない文字は次のとおりです。

スペース

\ / : \* ? " < > |

これらの文字のいずれかを使用した場合、エラー メッセージが表示されます。続行するには、使用できない文字を削除する必要があります。

**重要！** ソフトウェアのこのバージョンでは、seqscape\_admin というユーザ名を使用できません。以前のバージョンでこのユーザ名を使用していた場合、前述の「ファイル名規約」に準拠したユーザ名に変更してください。

## SeqScape ソフトウェアの起動

ソフトウェアを初めて起動するには

1. デスクトップ上の SeqScape ソフトウェアのショートカットをダブルクリックします。「SeqScape Registration」ダイアログ ボックスが開きます。

The image shows a 'SeqScape Registration' dialog box with the following fields and values:

- User Name: AdminUser
- First Name: Admin
- Last Name: User
- Password: \*\*\*\*\*
- Re-enter Password: \*\*\*\*\*
- Group: Admin
- Organization: Yours
- Registration Code: (empty field)

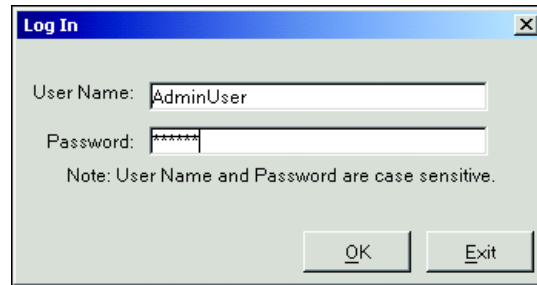
At the bottom, there are 'OK' and 'Exit' buttons.

2. 「SeqScape Registration」ダイアログ ボックスで、テキスト フィールドにすべての情報を入力します。「User Name」と「Password」の長さは 6 ～ 15 文字にする必要があります。

最初に作成されたユーザには、アドミニストレータ権限が自動的に割り当てられます。

3. ソフトウェアに同梱の登録カードに記載された登録コードを入力します。
4. 「OK」をクリックします。

プログラムが読み込まれている間、スプラッシュ画面が表示され、次に「Log In」ダイアログ ボックスが開きます。



5. ユーザ名とパスワードを再度入力し、「OK」をクリックします。  
「License」ダイアログ ボックスが開きます。

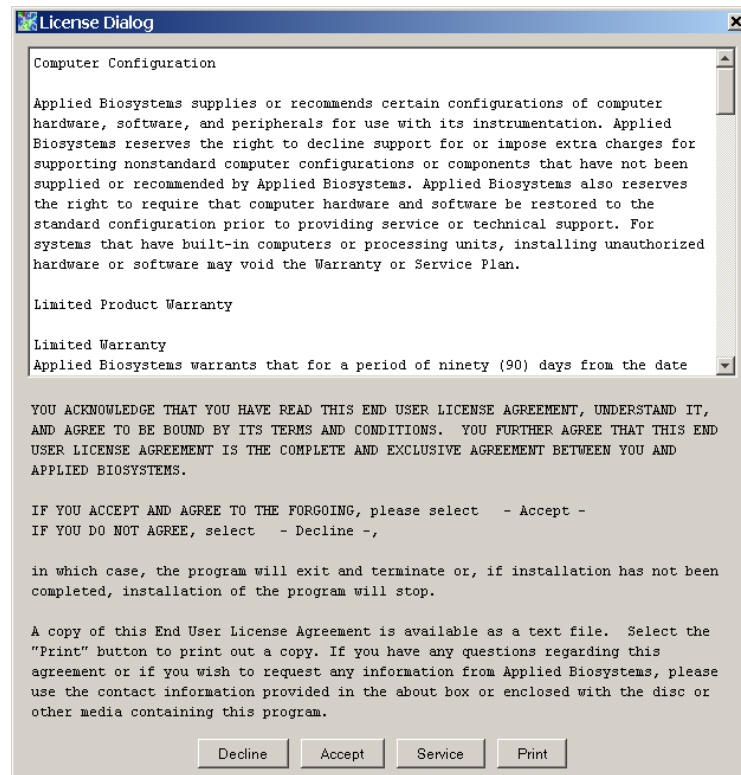
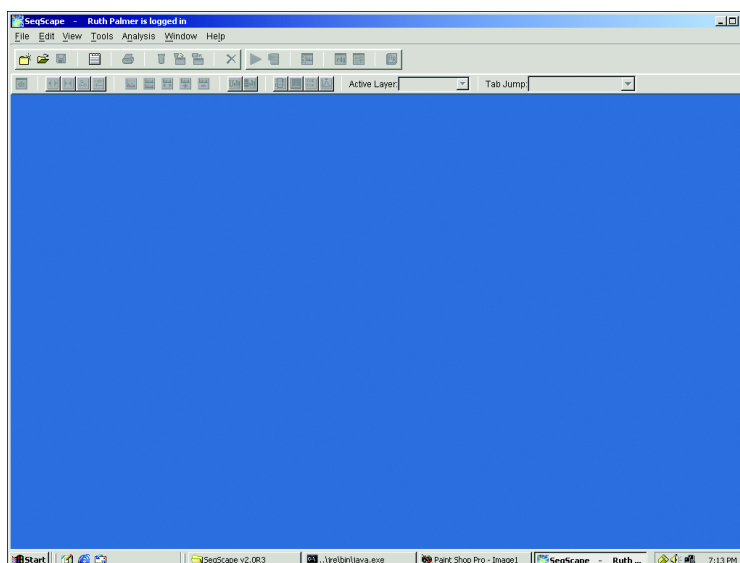


図 2-1 「License Dialog」

6. ライセンス契約を読み、「Accept」をクリックします。  
SeqScape ソフトウェアのメイン ウィンドウが開きます。



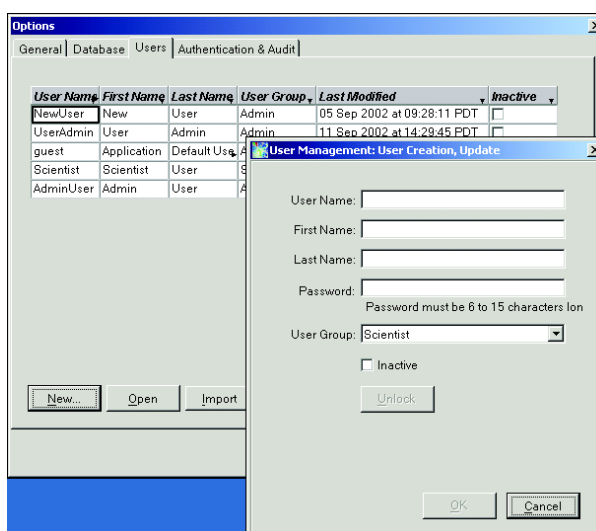
## 新規ユーザの作成

SeqScape ソフトウェアはプロジェクトと各ユーザの設定を追跡するため、Applied Biosystems では、コンピュータ上の SeqScape ソフトウェアを使用する個人ごとにユーザを作成することをお勧めします。「Users」タブを使用すると、これらのユーザのユーザ名およびアクセス権限をエクスポートできます。

**重要！** アドミニストレータは、「Users」タブの情報を設定および変更できる唯一のユーザです。このタブの選択項目は、他のすべてのユーザは使用不可能になっています。

### 新規ユーザを設定するには

1. 「Tools」>「Options」を選択して、「Options」ダイアログ ボックスを開きます。
2. 「Options」ダイアログ ボックスで「Users」タブを選択し、「New」をクリックします。



- 適切なユーザ名、パスワード、姓、名前を入力し、「User Group」ドロップダウン リストからユーザのレベルを選択します。

**注：**「User Name」には英数字のみを入力してください。このフィールドには、Microsoft® Windows® OS ファイル システムに準拠していないスペースや文字を含めることはできません。2-9 ページの「ファイル命名規則」を参照してください。

新規ユーザが「Users」タブのリストに表示されます。

- 複数のコンピュータにユーザを設定する場合、アドミニストレータが次の操作を実行することをお勧めします。
  - ユーザのリストを作成します。
  - このファイルをエクスポートします。
  - 他のコンピュータに SeqScape ソフトウェアをインストールします。
  - ユーザ ファイルをインポートします。

SeqScape ソフトウェアをいったん終了して再起動した後、新規ユーザがログインできるようになります。

## Authentication (認証) & Audit (監査) の 設定

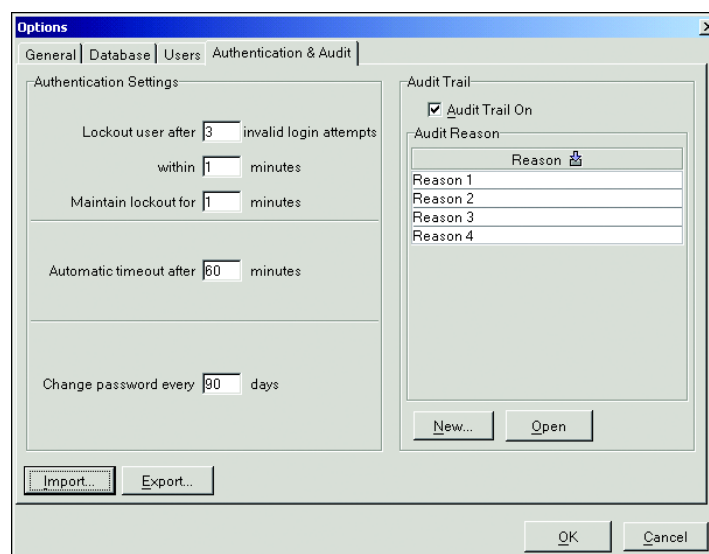
アドミニストレータ グループに属するユーザは、「Authentication & Audit」タブでアプリケーションのセキュリティ機能のデフォルト設定を変更することができます。

**注：**アドミニストレータは、「Authentication & Audit」タブの情報を設定および変更できる唯一のユーザです。このタブの選択項目は、他のすべてのユーザは使用不可能になっています。

「Authentication & Audit」のペインでは、塩基の変更、バリエーション、プロセスなど、プロジェクトの変更を追跡することができます。追跡を実行するには、「Audit Trail On」をチェックする必要があります。

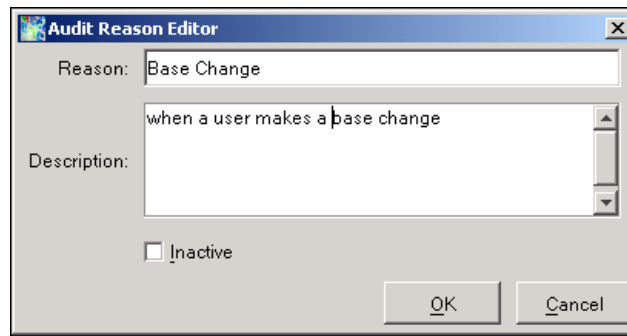
### 認証 (Authentication) と監査 (Audit) を設定するには

- 「Authentication & Audit」タブを選択して、「Authentication Settings」のデフォルトを変更します。

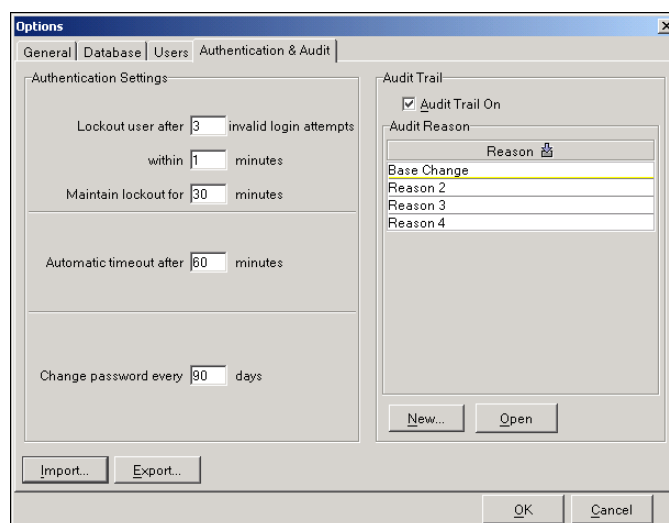


- ユーザが不正なパスワードまたはユーザ名を、「Lockout user after invalid login attempts」フィールドで選択されている回数入力した場合、ロックアウトされます。数を入力するか、デフォルト設定のままにします。

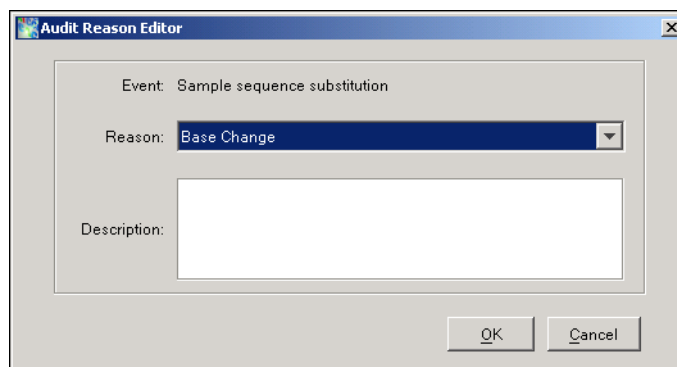
- b. 「within minutes」フィールドに入力された時間内に最大回数の試行が行われた場合、ユーザはロックアウトされます。数を入力するか、デフォルト設定のままにします。
  - c. 「Maintain lockout for minutes」フィールドには、ユーザが SeqScape ソフトウェアからロックアウトされた後、再ログインできるようになるまでに必要な経過分数を指定します。分の単位で数を入力するか、デフォルトを設定のままにします。
  - d. 「Change password every days」フィールドでは、ユーザが新規パスワードの入力を要求されるようになるまでの日数を指定します。日数を入力するか、デフォルト設定のままにします。
2. 「Audit Trail」ペインで「Audit Trail On」チェックボックスを選択して、指定された理由が発生すると常にダイアログボックスが開くようにします。
  3. 「Audit Reason」ペインで、オーディットトレールを行う理由を入力します。
    - a. 「Reason 1」フィールドをダブルクリックするかハイライトして、「New」をクリックします。



- b. 「Reason」フィールドに、プロジェクトに対して行われた変更を識別するための理由を入力します。たとえば、塩基の変更やバリエーションのインポートなどです。
- c. 必要に応じて理由（Reason）の説明（Description）を入力します。
- d. Audit Reason Editor で「OK」をクリックします。「Options」ダイアログボックスのリストに最初の理由が表示されます。



- e. プロジェクトビューのいずれかで変更が行われるたびに、次に示すような「Audit Reason Editor」ダイアログボックスが開きます。ドロップダウンリストから変更の理由（Reason）を選択してください。



4. 必要に応じて、「Options」ダイアログ ボックスの「General」タブで「Export」をクリックし、別のコンピュータを移動して設定をエクスポートします。「Import」ボタンでは、設定を別のコンピュータからインポートすることができます。
5. 「Options」ダイアログ ボックスで「OK」をクリックして、認証（authentication）と監査（audit）の設定を保存します。

**注：**「Authentication & Audit」の設定は、コンピュータ間でインポートまたはエクスポートすることが可能です。たとえば、アドミニストレータは、多数のユーザに対して認証および監査情報を設定した後、すべてのファイルを選択し、SeqScape ソフトウェアを使用して他のシステムにエクスポートすることができます。

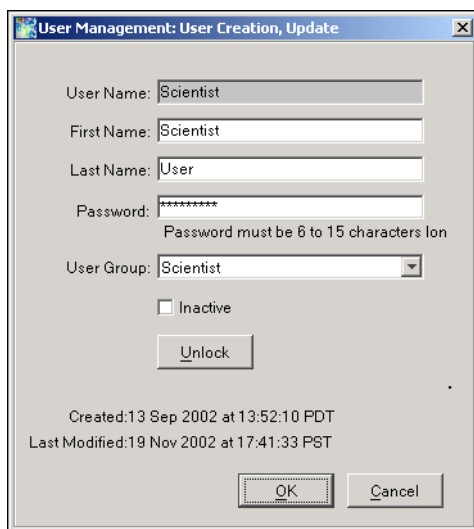
## ユーザ情報の変更

設定するユーザのデフォルト設定を変更することができます。

**重要！** アドミニストレータは、「Users」タブの情報を設定および変更できる唯一のユーザです。このタブの選択項目は、他のすべてのユーザは使用不可能になっています。

### ユーザの情報を変更するには

1. 「Options」ダイアログ ボックスで、「Users」タブを選択します。
2. リスト内の名前をダブルクリックし、「User Management」ダイアログボックスを開きます。



3. ユーザ情報を変更または修正し、「OK」をクリックします。
4. 必要に応じて、「Options」ダイアログ ボックスの「Export」ボタンをクリックし、アプリケーション設定や単一または複数ユーザの設定を圧縮された .ctf 形式でエクスポートします。



5. 「Export User」ダイアログボックスにファイルのエクスポート先のパスを入力し、「Export」をクリックします。
6. 「OK」をクリックして「Options」ダイアログボックスを閉じます。

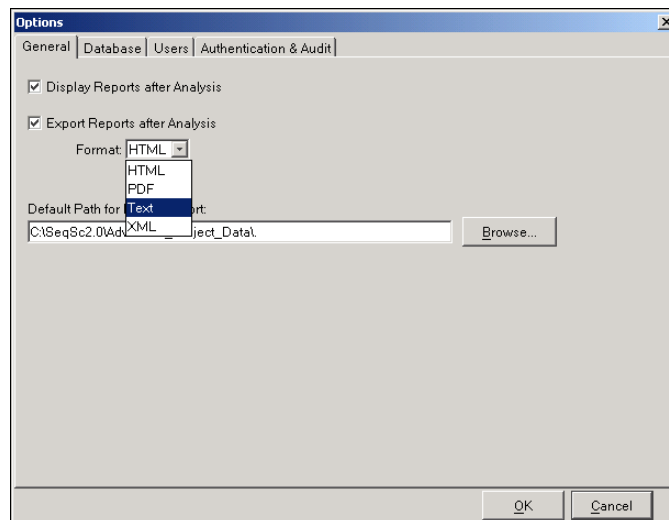
**注：** このプロセスは、最初のアドミニストレータが、追加のユーザまたは別のアドミニストレータを設定するときに使用されます。コンピュータ間でユーザ設定をインポートまたはエクスポートすることが可能です。たとえば、アドミニストレータは、多数のユーザに対してユーザ情報を設定した後、すべてのユーザ ファイルを選択し、SeqScape ソフトウェアを使用する他のシステムにエクスポートすることができます。

## デフォルト ディレクトリ の設定

データ ファイルをインポートおよびエクスポートするには、ユーザに対してデフォルト ディレクトリを設定する必要があります。ディレクトリ パスが設定されていない場合、デフォルト ディレクトリとして C:\ が開きます。

### デフォルト ディレクトリ パスを設定するには

1. SeqScape ソフトウェアのメイン ウィンドウで、「Tools」> 「Options」を選択します。
2. 必要に応じて、「General」タブで適切なチェック ボックスを選択します。
  - a. 「Display Reports after Analysis」チェック ボックスを選択します。
  - b. 必要に応じて「Export Reports after Analysis」チェック ボックスを選択し、「Format」ドロップダウン リストからエクスポートする形式を選択します。



3. 「Browse」をクリックし、ファイルの保存先として使用するデフォルト ディレクトリに移動します。
4. 「Open」をクリックします。  
エクスポートしたレポートは、デフォルトとして選択したディレクトリに保存されます。
5. 「OK」をクリックしてディレクトリ パスを保存し、ダイアログ ボックスを閉じます。

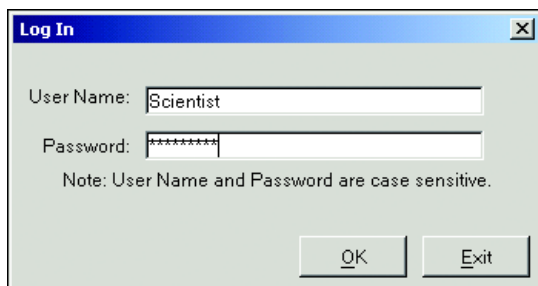
## 新規ユーザによる最初のログイン

**新規ユーザのログイン** インストールと設定が完了すると、新規ユーザがソフトウェアにログインできるようになります。

### SeqScape ソフトウェアにログインするには

1. デスクトップ上のショートカット  をダブルクリックし、ソフトウェアを起動します。
2. 「Log In」ダイアログボックスが開いて、最後に使用したユーザの名前が表示されます。ユーザ名とパスワードを入力し、「OK」をクリックします。

**重要！** ユーザ名またはパスワードを忘れてしまった場合は、アドミニストレータにお問い合わせください。



SeqScape ソフトウェアを使用できるようになります。

**注：** SeqScape ソフトウェアの以前のバージョンで設定されていたすべての既存ユーザには、アナリスト権限が割り当てられます。ユーザをサイエンティストまたはアナリストに変更できるのは、アドミニストレータグループに属するユーザのみです。以前のバージョンで設定されていたユーザが初めて SeqScape ソフトウェア v2.1 を使用しようとする、ユーザ プロファイル（名前およびパスワード）を設定するよう求められます。

# SeqScape ソフトウェアの構造

SeqScape ソフトウェアは、次の 2 つのメイン ウィンドウを中心に構成されています。

- 解析を実行するために必要な情報を入力および管理する「SeqScape Manager」ウィンドウ
- 解析結果を管理する「Project」ウィンドウ

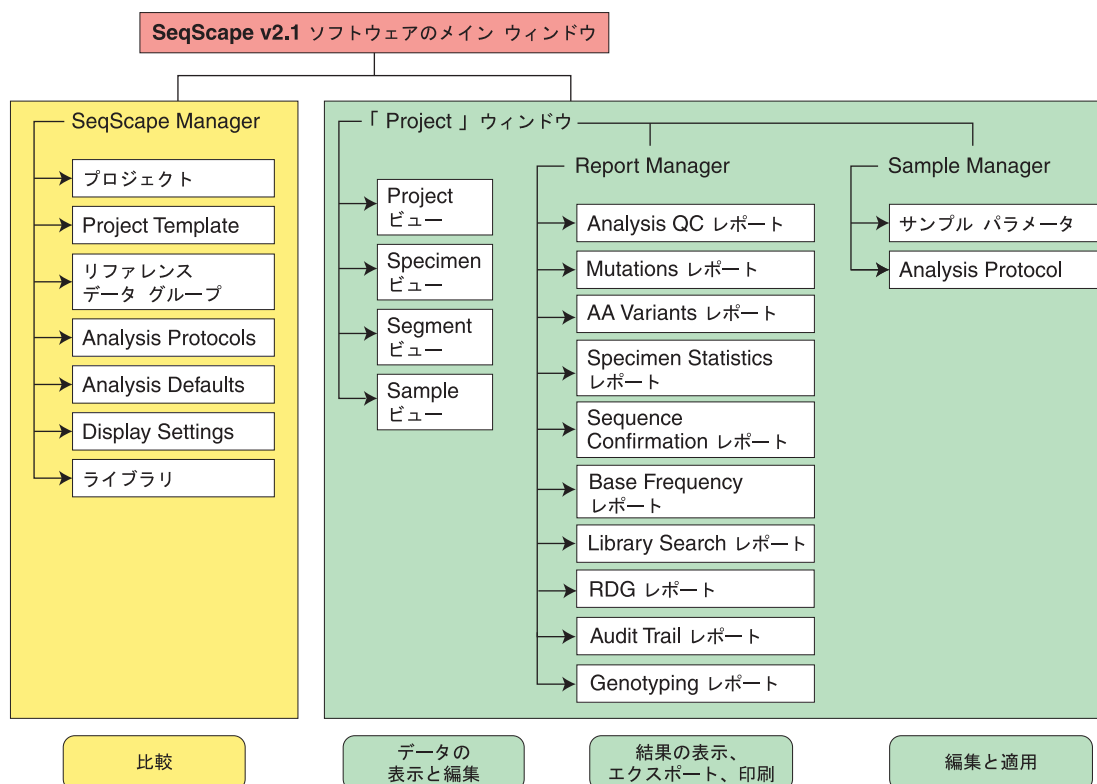


図 2-2 SeqScape ソフトウェアの構造

## 「SeqScape Manager」ウィンドウ

SeqScape Manager では、Project Template を作成してプロジェクトを設定します。Project Templates は、複数のプロジェクトで繰り返し利用することができ、エクスポートして他の研究者と共有することも可能です。Project Template には、次の情報が含まれます。

- リファレンス シーケンス情報
- Analysis Settings (Analysis Protocol を含む)
- Display Settings

「Project」ウィンドウ 「Project」ウィンドウでは、次の方法でデータを表示することができます。

表 2-3 「Project」ウィンドウのビュー

| ビュー          | 説明                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|--------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Project ビュー  | <p>リファレンス シーケンス、各スペシメン コンセンサス シーケンス、それぞれのスペシメンに含まれる各サンプル ファイルのエレクトロフェログラムの抜粋が表示されます。</p> <p>Expanded Nucleotide ビューでは、すべてのヌクレオチドが表示されます。Collapsed Nucleotide ビューでは、ヌクレオチドのバリエーションのみが表示されます。</p> <p>Expanded Amino Acid ビューでは、すべてのアミノ酸が表示されます。</p> <p>リファレンスと同じ文字 (NT または AA) はドットで示されます。「Character/Dots」 ボタンは、ビューの表示と非表示を切り替えます。</p> <p>Project ビューの下部に表示される「Identification」 ペインには、ライブラリの検索結果が示されます。</p> |
| Specimen ビュー | 各サンプルの Clear Range と方向、およびリファレンス シーケンスへの調整方法、アクティブな ROI が示された概要ペインが表示されます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| Segment ビュー  | <p>サンプル情報の表。表の行をクリックすると、その下に対応するサンプル シーケンスが表示されます。「Layout」 タブには、セグメントに含まれる各サンプルの方向が表示されます。「Assembly」 タブには、コンセンサス シーケンスにアライメントされたサンプルが表示されます。概要ペインには、フォワードおよびリバース シーケンス、バリエーション、ROI が示されます。1 つまたはすべてのシーケンスについてエレクトロフェログラムを表示することができます。</p>                                                                                                                                                                |
| Sample ビュー   | サンプルの関連情報が表示されます。これには、アノテーション、シーケンス、エレクトロフェログラム、および Raw Data が含まれます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |

これらのビューの詳細については、第 10 章「サンプルおよびコンセンサスの Quality Value」を参照してください。

## SeqScape ソフトウェアのツールバー

SeqScape ソフトウェアのツールバーには、頻繁に使用するソフトウェア機能のボタンが表示されます。各ボタンの名前、説明、キーボードショートカットについては、次の2つの図を参照してください。図 2-3 に示す上段のボタンは、プロセッシング ツールです。

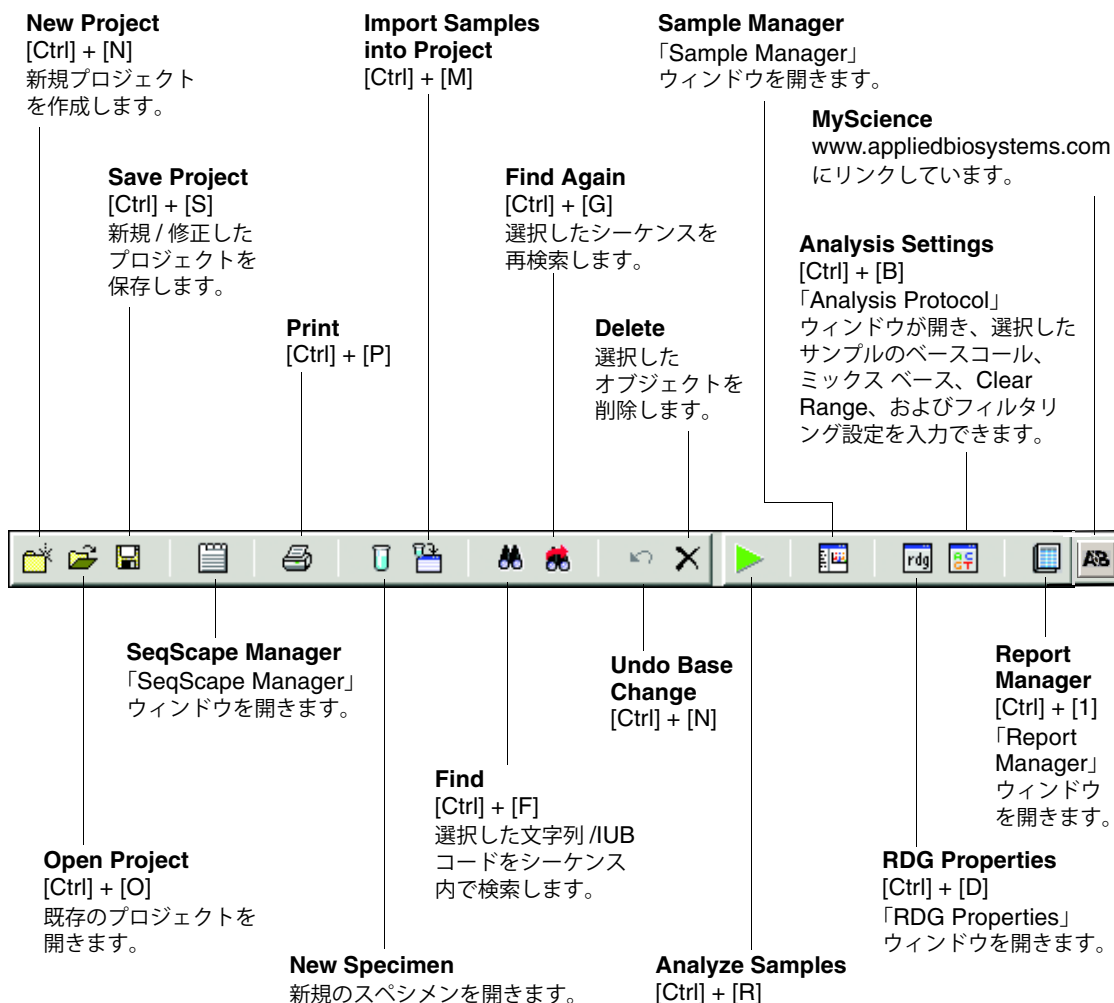


図 2-3 メイン ツールバー

図 2-4 に示す下段のボタンは、作成したプロジェクトの表示オプションです。

**Display Settings**

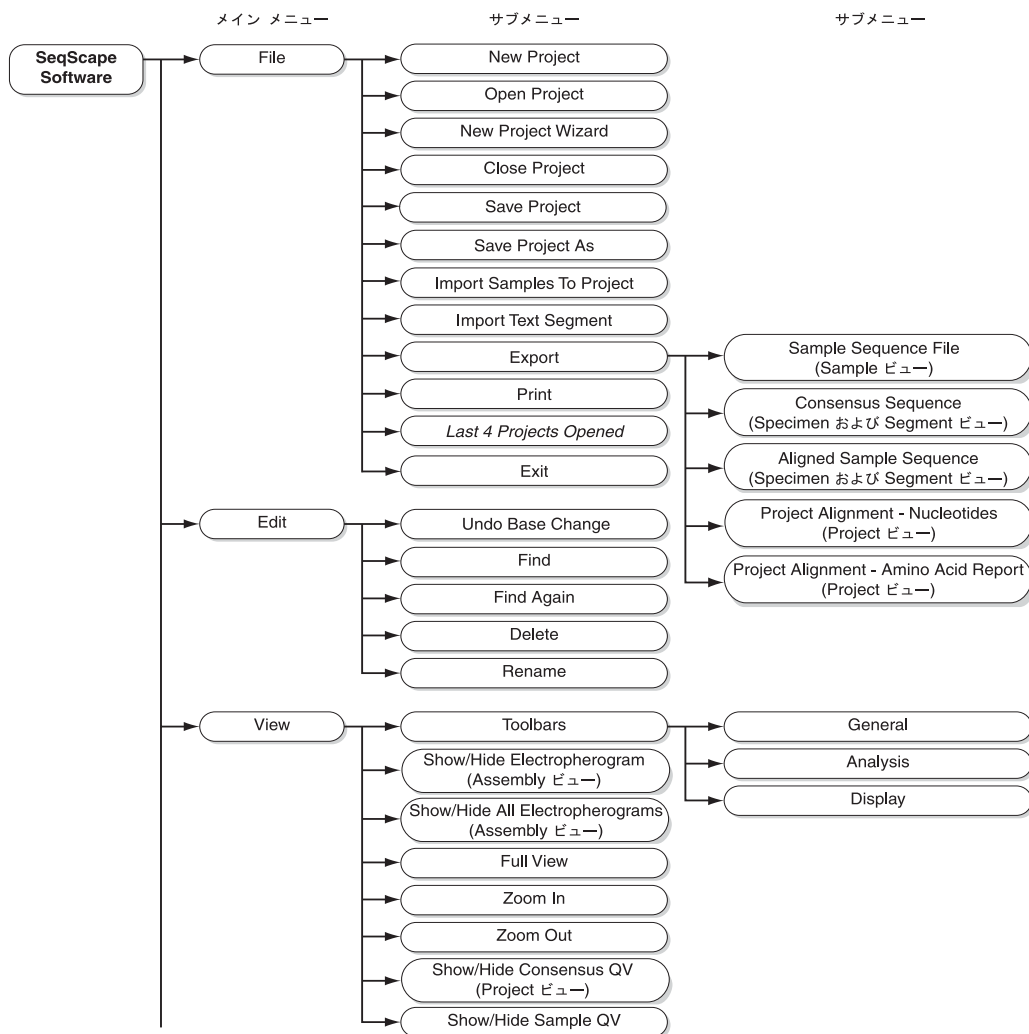
[Ctrl] + [Y]

プロジェクトの  
「Display Settings」  
ウィンドウを開きます。**Expanded  
Nucleotide View****Expanded Amino  
Acid View****Show/Hide  
Electropherogram  
Segment/Assembly**  
ビューで使します。**Zoom In**  
[Ctrl] + [=]**Zoom Out**  
[Ctrl] + [-]**Inverse View**エレクトロフェログラム  
の Inverse ビュー**Show/Hide  
Consensus QV****View  
Aligned EP****Characters/Dots**  
異なるベースコールは  
文字で示され、同じ  
ベースコールはドット  
で示されます。**Full View  
of Electropherogram**  
[Ctrl] + [I]**View Original  
Sequence  
Sample  
Electropherogram**  
ビューで使します。**Collapsed  
Nucleotide View****Show/Hide All  
Electropherograms****View Column Selector****Show/Hide  
Sample QV**  
[Ctrl] + [K]

図 2-4 表示ツールバー

# SeqScape のメイン ウィンドウのメニュー

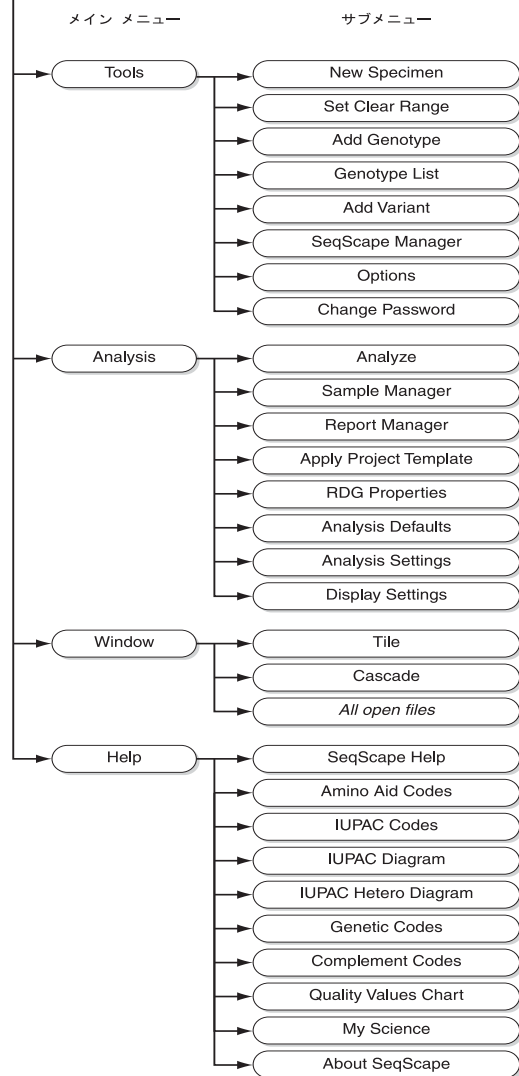
図 2-5 は、SeqScape のメイン ウィンドウのメニュー構造を示しています。



次ページへ続く ...

図 2-5 SeqScape のメイン ウィンドウのメニュー

前ページの続き





# ワークフロー

SeqScape ソフトウェアを使用した一般的なワークフローは、次のとおりです。

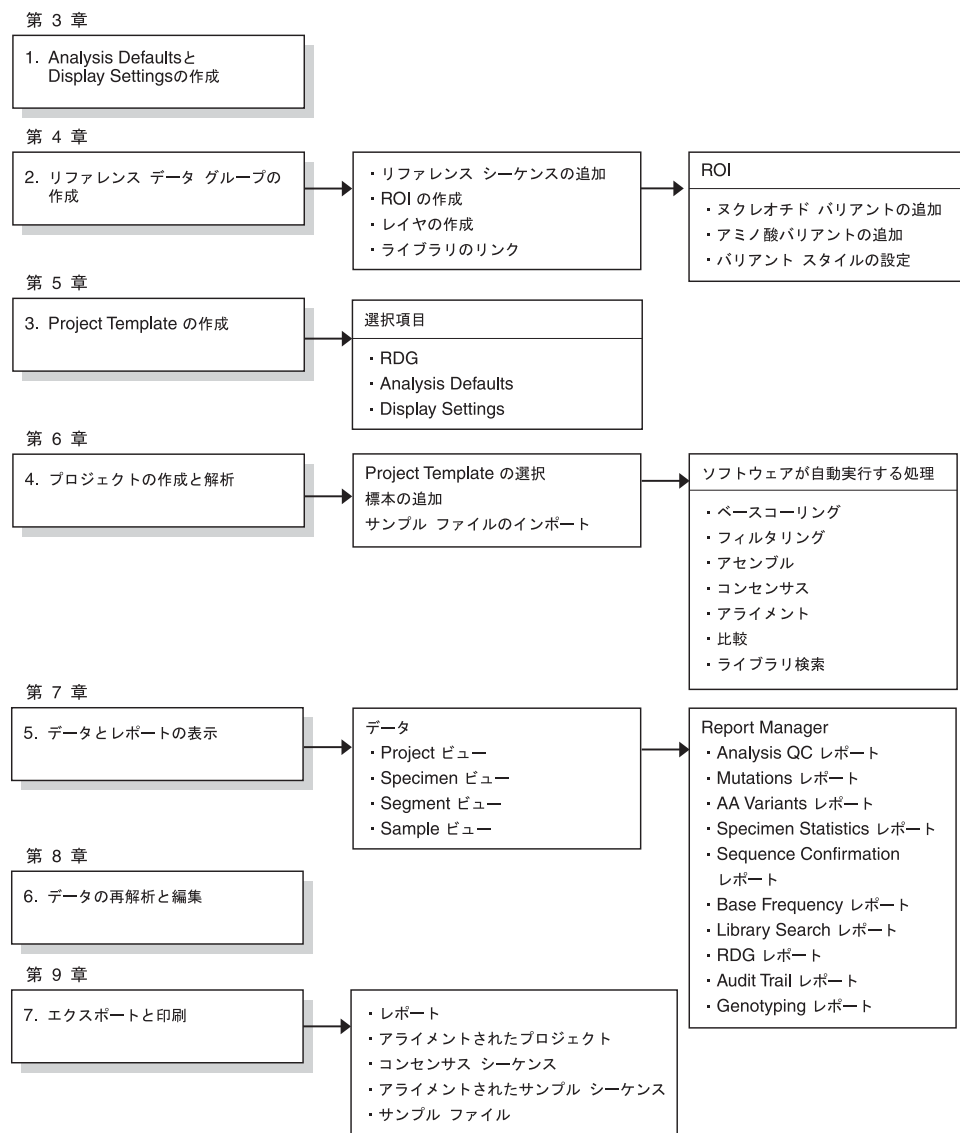


図 2-6 プロジェクトの一般的なワークフロー



# Analysis Defaults および Display Settings の作成

---

# 3

この章では、次の項目について説明します。

|                             |      |
|-----------------------------|------|
| この章のワークフロー .....            | 3-2  |
| Analysis Defaults の設定 ..... | 3-3  |
| Analysis Protocol の作成 ..... | 3-3  |
| Analysis Settings の指定 ..... | 3-9  |
| Display Settings の指定 .....  | 3-13 |

## この章のワークフロー

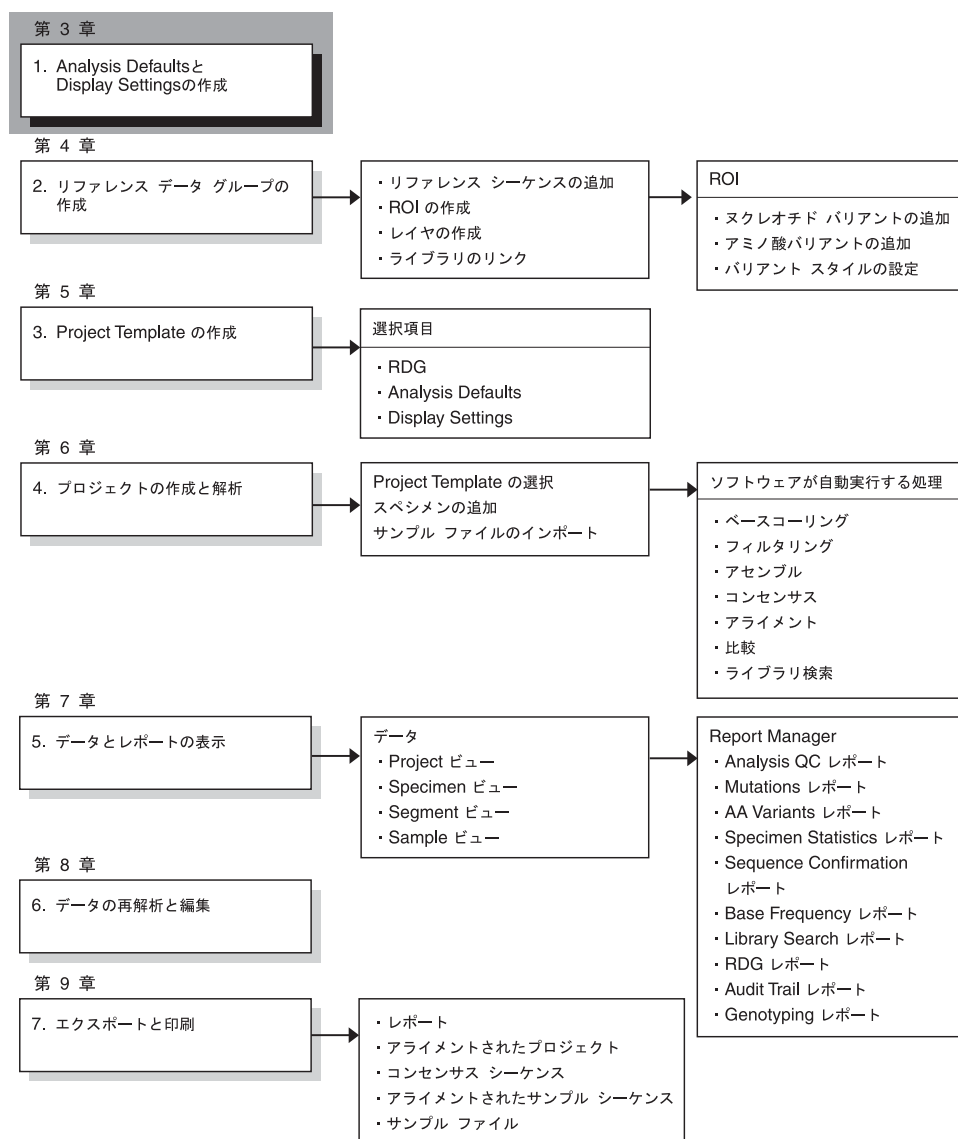


図 3-1 Analysis Defaults および Display Settings の作成手順

## Analysis Defaults の設定

Analysis Defaults は、Project Template の構成項目です。プロジェクトにインポートされたすべてのサンプルの Analysis Settings を設定するために使用されます。

## Analysis Protocol の作成

Analysis Defaults を作成する前に、Analysis Protocol を作成する必要があります。ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 の Analysis Protocol は、サンプルに適用される解析条件を指定します。Analysis Protocol の設定は、1 つ以上のサンプルに対して指定することができます。Analysis Defaults を選択する前に、Analysis Protocol を選択する必要があります。Analysis Protocol の設定には、次の設定が含まれます。

- ベースコーリング
- ミックス ベース
- Clear Range
- フィルタリング

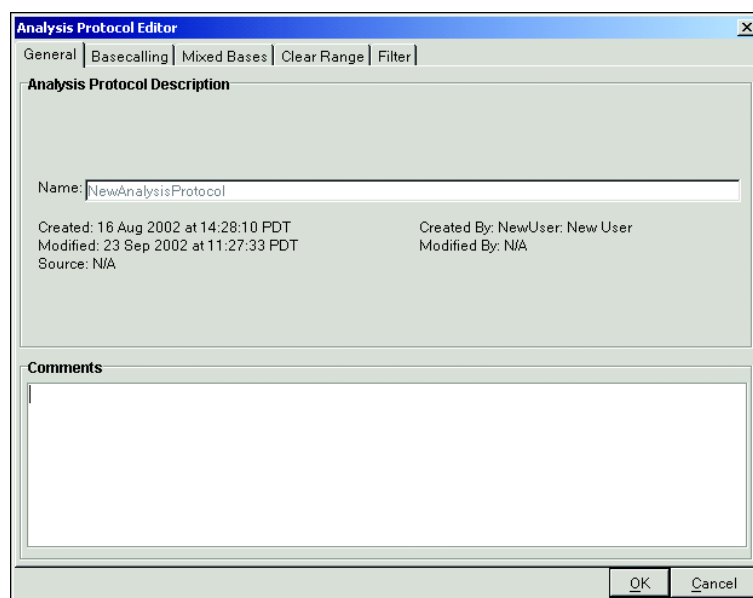


図 3-2 「General」タブが表示された Analysis Protocol Editor

## Analysis Protocol Editor のタブ

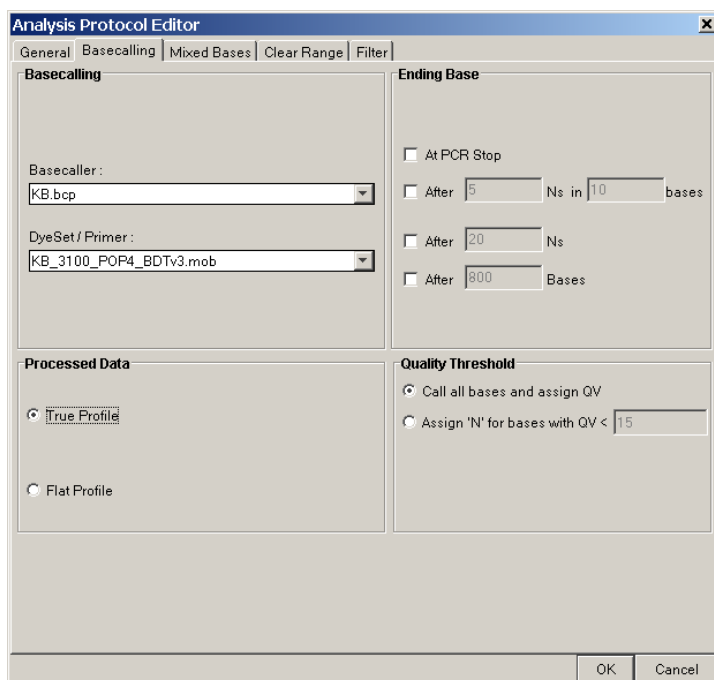
次の Analysis Protocol Editor のタブと説明を使用して、Analysis Defaults で選択する Analysis Protocol を設定します。

- 「**General**」タブには、名前、作成日、修正日など Analysis Protocol に関する一般情報が表示されます。図 3-2 を参照してください。
- 「**Basecalling**」タブには、ソフトウェアによる塩基の読み取り方法を指定する設定が表示されます。選択する Basecaller は、使用する装置とケミストリによって決まります。ベースコーリング ファイルと Dye Primer Set の選択肢の詳細については、付録 A 「Basecaller と DyeSet/Primer ファイル」を参照してください。
- 「**Mixed Bases**」タブの「Use Mixed Bases Identification」ボックスは、国際規格 IUB コードに従ってヘテロピークの塩基を読み取ります。ミックススペースの検出は、2 番目のピークのスレッシュホールド値が最も高いピークの特定の割合と等しいかこれを超えている場合のみ実行されます。このレベルは、サンプルの種類、反応キット、および精製方法に従って設定します。
- **Clear Range** は、5' と 3' の両末端でクオリティの低いまたはエラーが発生しやすいシーケンス、および該当する場合は M13 プライマー シーケンスを除外した後に残るシーケンスの領域です。範囲はデフォルトとして指定することができます。常に「Use reference trimming」を選択することをお勧めします。
- 「**Filter**」タブでは、最小の基準を満たさないシーケンスを排除するための設定をします。フィルタリングの設定を満たさないシーケンスは、アセンブルされません。

## Basecall の設定の指定

Basecall の設定を指定するには

1. 「Tools」> 「SeqScape Manager」を選択します。
2. 「Analysis Protocols」タブを選択し、リストから設定を変更するプロジェクトを選択します。
3. 「Properties」をクリックします。
4. Analysis Protocol Editor で、「Basecalling」タブを選択し、ベースコーリングの設定を表示します。



5. 使用する装置に適した Basecaller を選択します。詳細については、付録 A「Basecaller と DyeSet/Primer ファイル」を参照してください。
6. 使用装置用の DyeSet/Primer の設定 (.mob 拡張子を持つモビリティ ファイル) を選択します。詳細については、付録 A「Basecaller と DyeSet/Primer ファイル」を参照してください。
7. PCR プロダクトが短い場合、ベースコーリングを PCR プロダクトの最後で終了する必要があります。この場合は、「At PCR Stop」チェック ボックスを選択します。
8. また、指定した N の後または特定数の塩基の後にベースコーリングを停止することもできます。設定への変更を入力します。

Basecaller の設定の詳細については、『ABI PRISM® DNA Sequencing Analysis ソフトウェア ユーザーガイド』を参照してください。

9. KB Basecaller の場合のみ、「Processed Data」領域で、データの表示方法を True Profile および Flat Profile から選択します。

**True Profile** - 解析データの表示スケールは一定でデータを表示するので、最も強いシグナル領域の平均ピーク高にほぼ一致するようにスケールを固定します。ピークのプロファイルは Raw Data に近似します。

**Flat Profile** - 解析データの表示スケールは部分的に調整しデータを表示するので、部分領域の平均ピーク高にほぼ一致するようにスケールを固定します。ピークのプロファイルはデータの間地点（約 40 塩基以上）では、均一になります。

10. KB Basecaller の場合のみ、Quality Threshold を設定します。

**Call all bases and assign QV** - この設定は、すべての位置に対して塩基と QV を割り当てる場合に使用します。

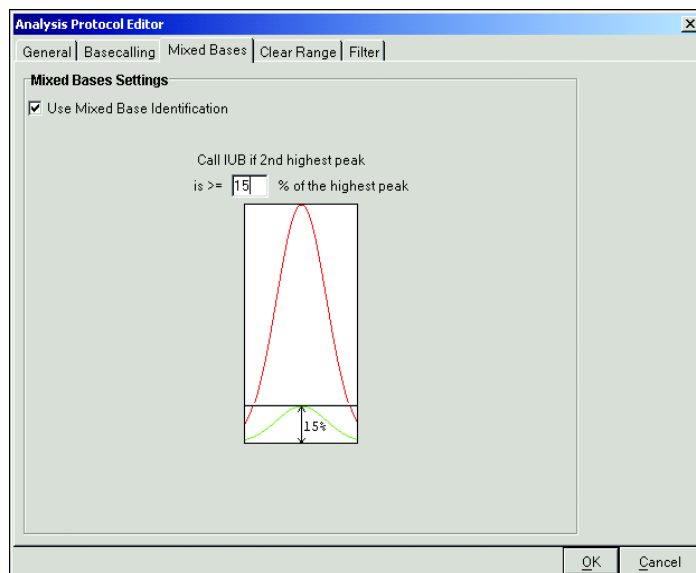
**Assign 'N' for bases with QV>** - この設定は、QV が設定値未満の塩基に N を割り当てる場合に使用します。QV は灰色で表示されます。

**重要！** Applied Biosystems では、解析に KB Basecaller を使用することをお勧めします。KB Basecaller は、SeqScape ソフトウェア v2.0 および Sequencing Analysis ソフトウェア v5.0 で組み込まれました。このアルゴリズムは、引き続き強化されていく予定です。ABI Basecaller は古いアルゴリズムで、ソフトウェアの今後の改訂では削除される予定です。

## ミックス ベースの 設定の指定

ミックス ベースの設定を指定するには

1. Analysis Protocol Editor で、「Mixed Bases」タブを選択します。



2. 国際規格 IUB コードに従ってヘテロピークの塩基を読み取るため、「Use Mixed Bases Identification」チェック ボックスを選択します。ミックス ベースの検出は、2 番目のピーク高がメイン ピーク高の特定の割合と等しいかこれを超えている場合にのみ実行されます。
3. サンプルの種類、反応キットと精製方法、期待または容認される割合に従ってこのレベルを設定します。ミックス ベースを読み取るスレッシュホールド値を、最初のピークの % 値として入力します。

**重要！** Applied Biosystems では、デフォルト値 15% より小さい値を入力しないことをお勧めします。割合の低いミックス ベースを検出するためにデフォルトの割合を下げると、バックグラウンド シグナルが高くなり、ミックス ベースが正確に検出されなくなる可能性があります。この条件を覚えておいてください。

## Clear Range の指定

「Clear Range Methods」のすべてまたは一部のアルゴリズムを適用することができます。各メソッドは上から下へ順に適用され、以降のアルゴリズムの設定によって Clear Range が長くなることはありません。結果的に、最も小さい Clear Range が使用されます。サンプルに Analysis Protocol の設定を再適用するときにサンプルの既存の Clear Range を維持する場合は、どの Clear Range メソッドも選択しないでください。

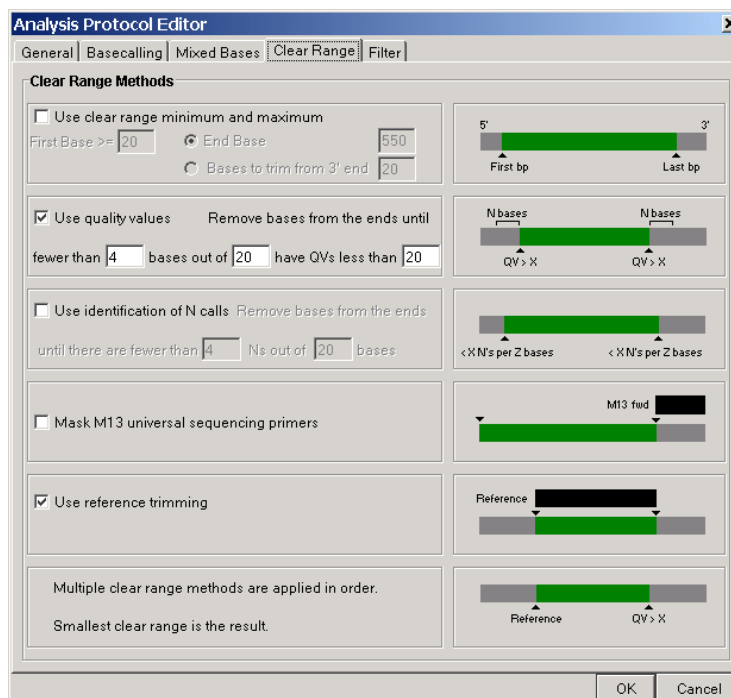
**重要！** Clear Range メソッドを選択せずにプロトコルを作成することもできますが、リファレンスのトリミングを行うために、少なくとも 1 つの Clear Range メソッドを選択することをお勧めします。

「Clear Range」タブでは、クオリティが高いと見なすシーケンス部分を設定することができます。クオリティが高いとは、シーケンスでエラーや N が最も少なく、塩基の読み取りや Spacing が適切なことを意味します。



## Clear Range の決定方法を設定するには

1. Analysis Protocol Editor で、「Clear Range」タブを選択します。



SeqScape ソフトウェアは塩基ごとの Quality Value (QV) を算出するため、適切な Quality Value を超える塩基がある程度数存在するシーケンスの領域を使用するように選択することができます。

2. 「Use clear range minimum and maximum」を選択し、最小の開始塩基と最大の終了塩基または塩基数を設定し、Clear Range の 3' 末端からトリミングします。
3. 「Use quality values」を選択し、塩基 Z 個あたり QV が Y 未満の塩基が X 個未満になるまで塩基を削除します。
4. 「Use identification of N calls」を選択し、塩基 Y 個あたりの N が X 未満になるまで塩基を削除します。これにより、指定数の N が許容されているウィンドウが設定されます。
5. 「Mask M13 universal sequencing primers」を選択し、Clear Range から M13 プライマー シーケンスを除外します。
6. 「Use reference trimming」を選択し、リファレンスに合わせてアライメントされたシーケンスのみが含まれるように自動的にサンプルのトリミングを行います。

## フィルタリングの 設定の指定

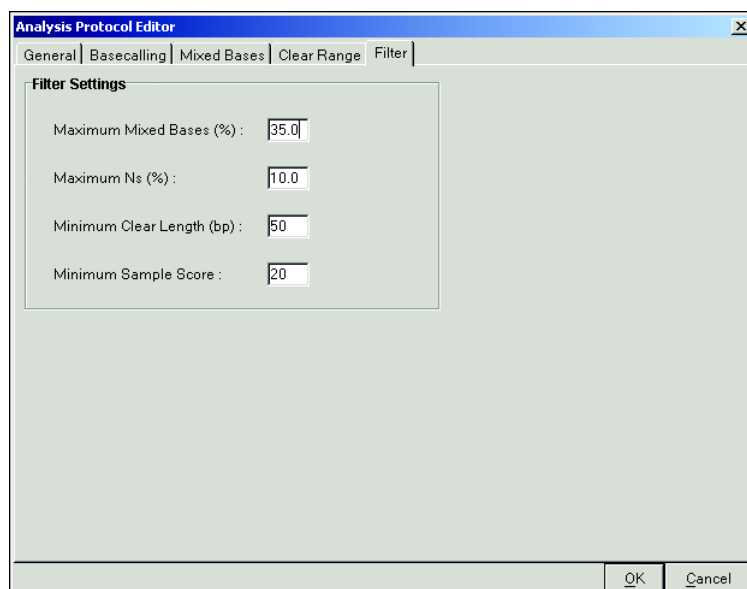
「Filter」タブでは、最小の条件を満たさないシーケンスを不採用（Reject）にするための基準を設定します。フィルタリングの設定を満たさないシーケンスは、アセンブルされません。

ミックス ベースの最大割合は、フレーム シフトを検索するために使用します。N の最大割合と最小長の設定は、以降の解析に十分なデータで作業していることを確認するために使用します。これにより、N が指定割合を超えるデータはふるい落とされます。

また、最大サンプル スコアは、シーケンスのクオリティを高く維持するために使用します。20 を指定すると、Clear Range に含まれるすべての塩基の平均 Quality Values が 20 以上の場合に、データが容認されます。これは、1 対 100、すなわち 1% のエラー率に相当します。

### フィルタリングの設定を選択するには

1. Analysis Protocol Editor で、「Filter」タブを選択します。



2. 次の表に示す設定の説明を参考にして、設定への変更を入力します。

| パラメータ                     | 説明                                                                                                               |
|---------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Maximum Mixed Bases (%)   | サンプル ファイルの Clear Range で許容されるミックス ベースの合計最大割合。この数値を超えるサンプルは解析できません。                                               |
| Maximum Ns (%)            | サンプル ファイルの Clear Range で許容される N の合計最大割合。この数値を超えるサンプルは解析できません。                                                    |
| Minimum Clear Length (bp) | サンプル ファイルの Clear Range に必要な塩基の最小の長さ。この数値に満たないサンプルは解析できません。                                                       |
| Minimum Sample Score      | 容認される最小 Quality Values スコア（Clear Range 内のすべてのサンプル QV の平均）。範囲は 1 ～ 50 です（10-3 ページの「サンプル Quality Value」を参照してください）。 |

3. Analysis Protocol が完成したら、「OK」をクリックして新しい設定を保存します。新しい設定を保存しない場合は、「Cancel」をクリックして以前の設定を保存します。

**注：** 変更を適用するには、「OK」をクリックして保存し、解析を実行する必要があります。  
すべてのフィルタリングをパスしたシーケンスは、アセンブルされます。

## Analysis Settings の指定

サンプルの変動を取り込み、結果のクオリティを維持するため、サンプルの解析に使用する設定を修正し、サンプルに再適用することができます。

変更は、プロジェクトに含まれる Analysis Defaults および Display Settings に保存することも、SeqScape Manager に保存して Project Template で使用することもできます。

以降のセクションでは、一連のサンプル用の Analysis Settings を選択する手順について説明します。これらの Analysis Settings は、Analysis Defaults として保存することも、SeqScape Manager に保存することもできます。

新規 Project Template の再適用の詳細については、6-17 ページの「別の Project Template を使用したプロジェクトの再解析」を参照してください。

### ギャップ ペナルティと エクステンション ペナルティ

#### 「Project」タブの設定

ギャップ ペナルティの設定は、異なるスペシメン コンセンサス シーケンスどうし、およびスペシメン コンセンサス シーケンスとリファレンスとのアライメントに適用されます。

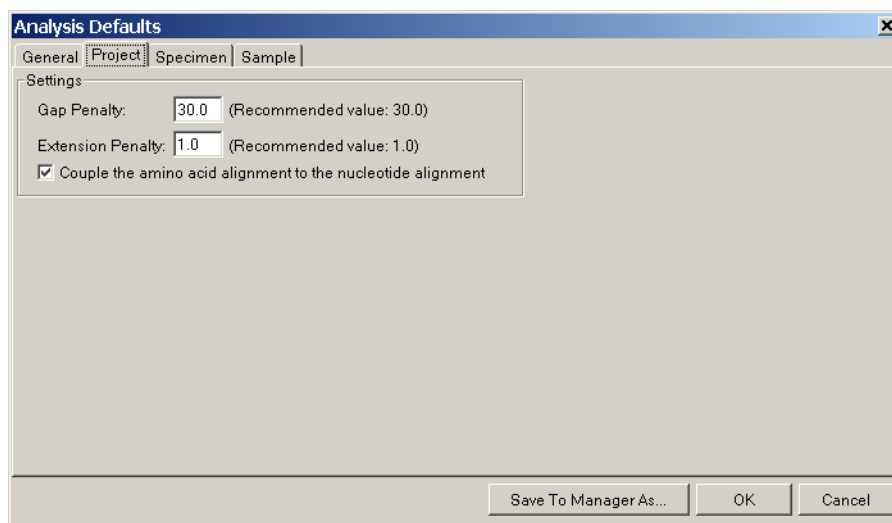


図 3-3 Analysis Defaults の「Project」タブ

ギャップおよびエクステンション ペナルティを追加する場合、これらの設定によってシーケンス アライメントにギャップが挿入され、他のギャップ ペナルティ スコア ( $G + Ln$ ) にはない文字が削除または挿入された特定シーケンスの領域までアライメントを拡張できます。G はギャップ ペナルティ、L はギャップ長、n は塩基数です。このとき、ギャップによってアライメントの不確実性が大きくなるため、アライメントに挿入された各ギャップについてペナルティが差し引かれます。

**注：**Applied Biosystems では、デフォルト値を使用することをお勧めします。デフォルトの設定は、常にその時点のアルゴリズムに最適化されています。

## 「Specimen」タブの設定

ギャップおよびエクステンション ペナルティの設定は、リファレンスへのサンプル アライメントの設定に適用されます。

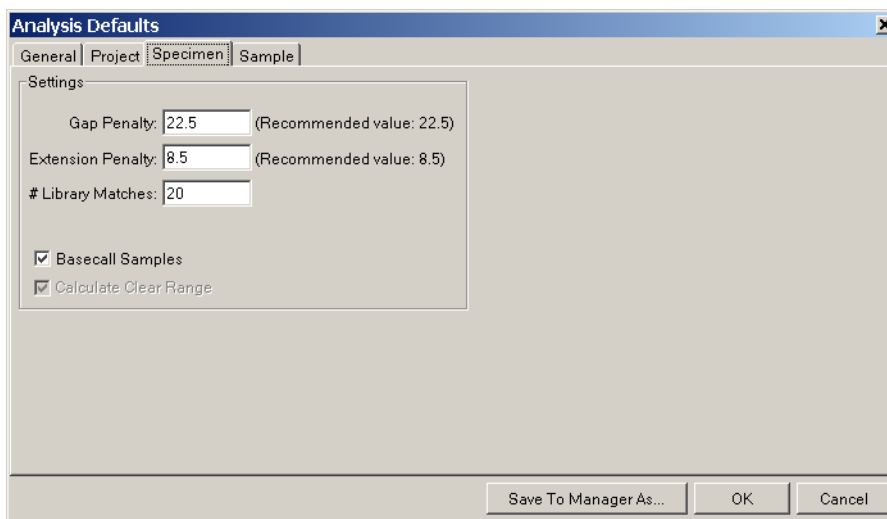


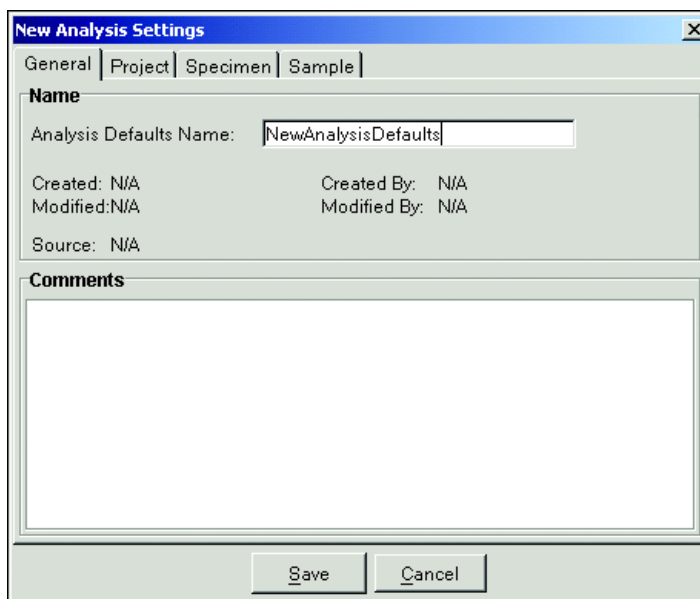
図 3-4 Analysis Defaults の「Specimen」タブ

Analysis Defaults の  
設定

新規 Analysis Defaults を作成するには

1. SeqScape Manager で「Analysis Defaults」タブを選択し、「New」をクリックします。
2. 「New Analysis Settings」ダイアログ ボックスの「General」タブで、Analysis Defaults の名前を入力します。

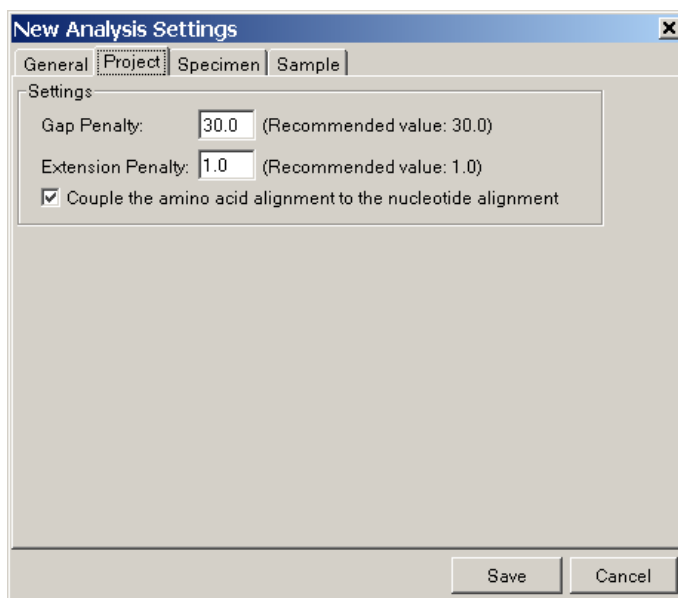
**注：** この名前には、Windows ファイル システムに準拠していないスペースや文字を含めることができません。2-9 ページの「ファイル命名規則」を参照してください。



3. 「Comments」ボックスに、新規 Analysis Settings に関するコメントを入力します。

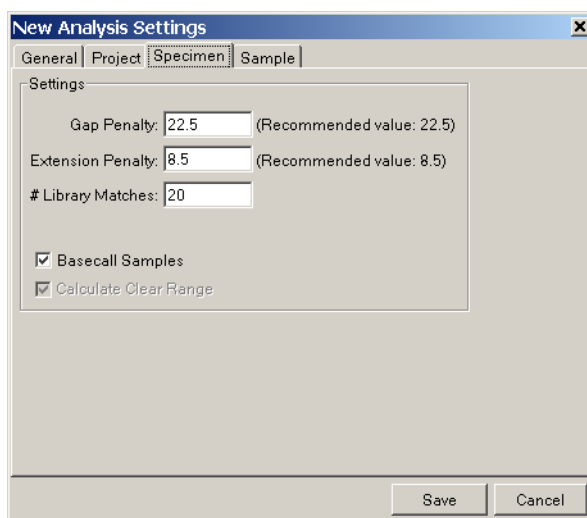
4. 「Project」タブを選択し、必要に応じてペナルティの設定を変更します。推奨されるギャップ ペナルティは 30、エクステンション ペナルティは 1.0 です。

注：ギャップおよびエクステンション ペナルティは、コンセンサス シーケンスをリファレンスおよびコンセンサス シーケンスどうしに合わせてアライメントするときに使用されるアライメント アルゴリズムでのみアライメントされます。アセンブリのためサンプルをリファレンスに合わせてアライメントするときには影響しません。



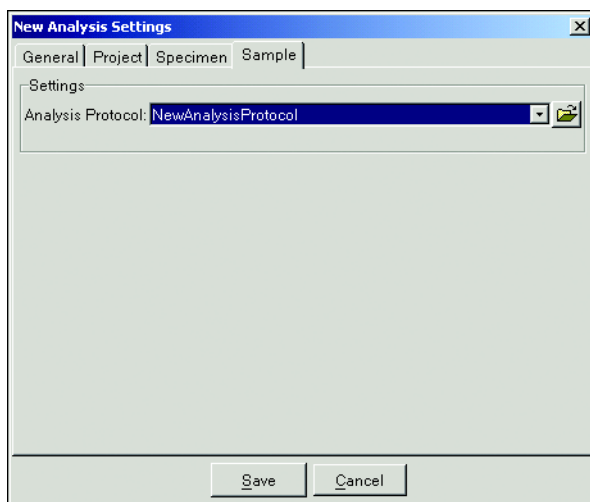
5. 「Specimen」タブを選択します。

「# Library Matches」チェック ボックスは、選択したライブラリ検索によって返されるヒット数を示します。推奨されるギャップ ペナルティは 22.5、エクステンション ペナルティは 8.5 です。



- a. 必要に応じて、設定を変更します。
- b. Clear Range の計算とサンプルの Basecall を自動的に実行する場合は、「Basecall Samples」を選択します。「Basecall Samples」を選択しない場合、サンプル ファイルはベースコーリングされず、データはすでにベースコーリングされ、編集されているものと見なされます。ベースコーリングがスキップされると、ソフトウェアは解析過程のフィルタリングとアセンブリに進みます。

6. 「Sample」タブを選択し、「Analysis Protocol」ドロップダウン リストからさきほど作成した Analysis Protocol を選択します。



7. 「Save」をクリックし、このプロジェクトの新しい設定を保存します。
8. 「Close」をクリックして「SeqScape Manager」ダイアログ ボックスを閉じます。

### サンプルごとの Analysis Defaults Settings の選択

注： Analysis Defaults を変更しても、すでにプロジェクトに存在するサンプルの Analysis Settings には影響しません。

サンプルごとに Analysis Settings を選択するには

1. Project ビューでサンプルを選択します。
2. 「Analysis」> 「Analysis Settings」を選択します。サンプル ファイルごとの Analysis Protocol が開きます。
3. 設定を適切に変更し、「Save」をクリックします。

# Display Settings の指定

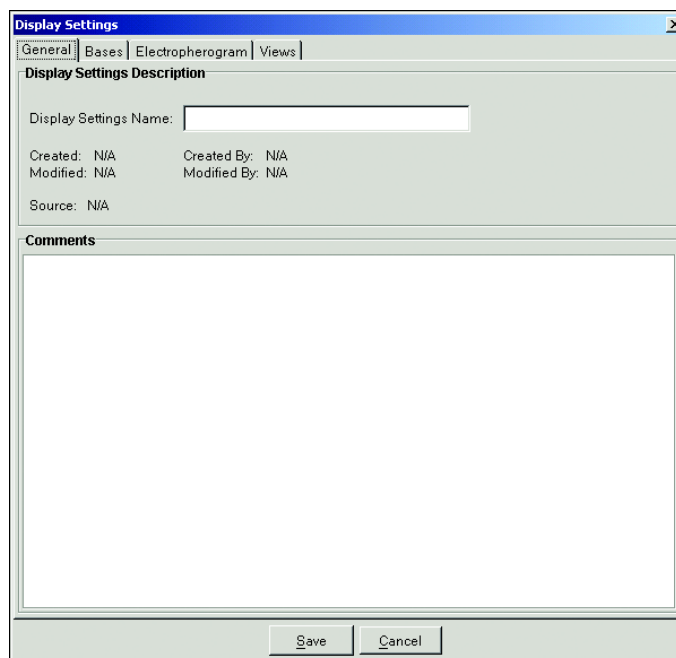
SeqScape では、ユーザの好みに合わせて結果の表示方法を選択することができます。Display Settings は、修正してプロジェクトに再適用することができます。選択した設定を SeqScape Manager に保存し、Project Template で使用することもできます。

Display Settings は、次の設定を制御します。

- 塩基を表すフォントの色およびスタイル
- エレクトロフェログラムの表示および軸スケール
- バリエーションの表示ビュー
- ヌクレオチド翻訳の表示ビュー
- Quality Value の表示およびスレッショールド値

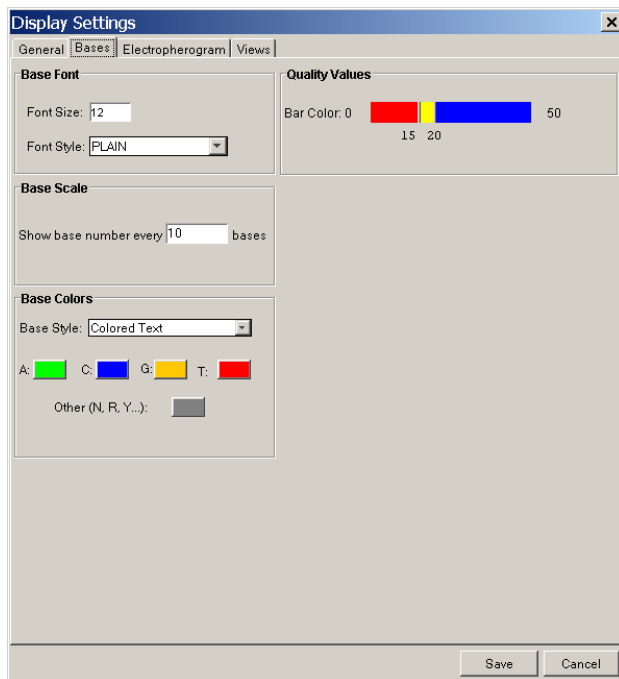
Display Settings を指定するには

1. SeqScape Manager で「Display Settings」タブを選択し、「New」をクリックします。  
「Display Settings」ダイアログ ボックスが開き、「General」タブが表示されます。



2. 「Display Settings Name」フィールドをクリックし、新規 Display Settings の名前を入力します。  
**重要！** この名前には、Windows ファイル システムに準拠していないスペースや文字を含めることができません。2-9 ページの「ファイル命名規則」を参照してください。
3. サンプルについて記録しておきたいコメントを入力します。

## 4. 「Bases」タブを選択します。



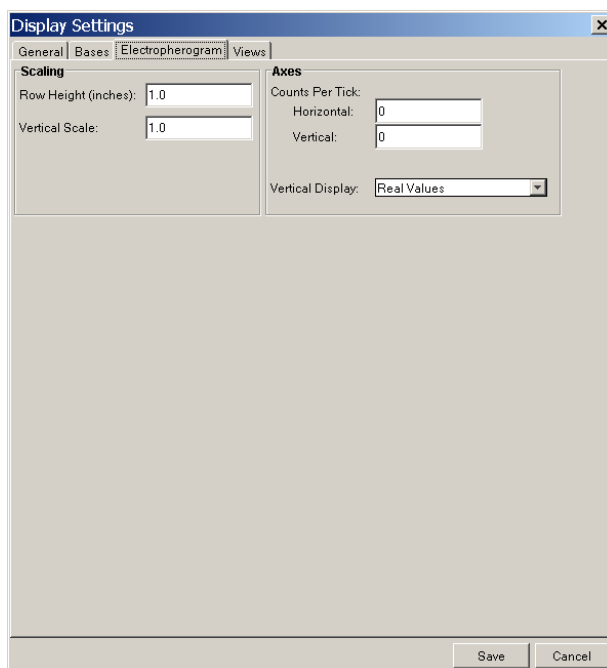
- a. 各塩基についてテキストのスタイルと色を希望どおりに入力します。「Base Font」セクションで、シーケンスの塩基に使用するフォントを選択するか、デフォルトを使用します。
- b. 「Base Scale」セクションで、Project ビューにリファレンス シーケンスの塩基を表示する頻度を入力します。
- c. 「Base Colors」セクションで、シーケンスの塩基およびエレクトロフェログラム トレースに使用する色を選択します。色を選択するには、色付きのボックス（A:、G:、C:、および T: の横）をクリックし、カラー チャートを開きます。新しい色を選択し、「OK」をクリックします。
- d. 「Quality Values」セクションで、色付きのバーをクリックしてカラー チャートを開き、必要に応じて色を選択します。スレッショールド値を選択するには、色の間にある分割バーをドラックします。

注：ここで指定するスタイルは、バリエーションには適用されません。

Quality Value の詳細については、第 10 章「サンプルおよびコンセンサスの Quality Value」を参照してください。

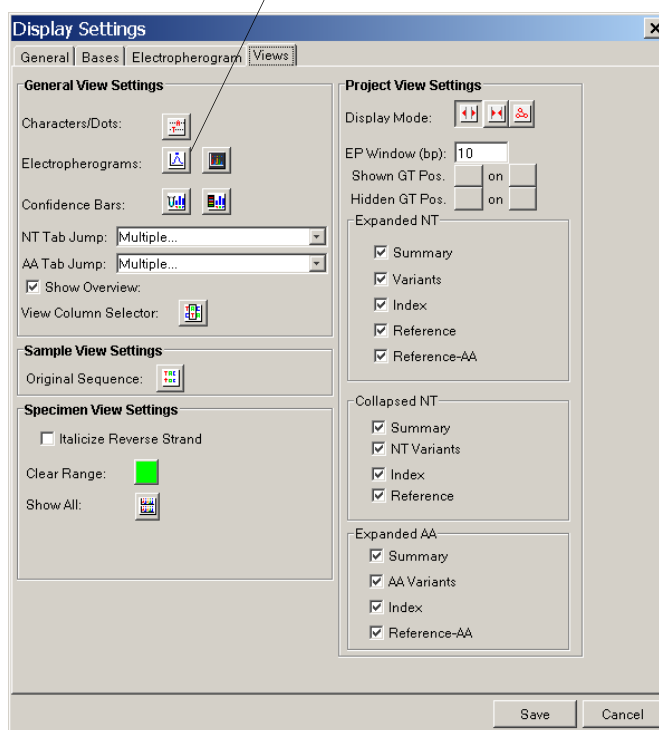


5. 「Electropherogram」タブを選択し、エレクトロフェログラムおよび軸の表示に使用する設定を入力します。
  - a. スケーリングおよび軸の設定を希望どおりに入力します。
  - b. 「Vertical Display」の設定（「Real Values」または「Relative」）を選択します。



6. 「Views」タブを選択し、Project ビューおよび Specimen ビューに使用する設定を入力します。

Electropherogram ビューを選択します。



- a. 「General View Settings」セクションで、プロジェクトでオンに設定する表示のボタンをクリックします。Electropherogram ビューを選択します。

注： このビューを選択しない場合、Assembly ビューを印刷したときにピークがアライメントされません。

このタブにある多くのボタンは、SeqScape のメイン ウィンドウの下段ツールバーに表示される表示ボタンと同じです。2-20 ページの「表示ツールバー」を参照してください。

- b. ドロップダウン リストから、[Tab] キーによるデータのジャンプ方法を選択します。
  - c. 「Sample View Settings」セクションで、元のシーケンスを表示する場合はアイコンを選択します。
  - d. フォワード シーケンスとリバース シーケンスを区別するには、「Specimen View Settings」セクションで「Italicize Reverse Strand」を選択します。
  - e. 「Project View Settings」セクションの「EP Window」フィールドに、Project ビューのエレクトロフェログラムの抜粋に表示する塩基数を入力します（最小数は3）。
7. 「Save」をクリックして変更を保存し、ダイアログ ボックスを閉じます。  
新規 Display Settings が SeqScape Manager に追加されます。

# リファレンス データ グループの作成

---

この章では、次の項目について説明します。

|                                        |      |
|----------------------------------------|------|
| この章のワークフロー .....                       | 4-2  |
| リファレンス データ グループ (RDG) .....            | 4-3  |
| ウィザードを使用した新規 RDG の作成 .....             | 4-5  |
| SeqScape Manager を使用した新規 RDG の作成 ..... | 4-9  |
| 対象領域 (ROI) の定義 .....                   | 4-12 |
| 「ROI」 タブの説明 .....                      | 4-14 |
| ライブラリの作成 .....                         | 4-16 |
| 新規レイヤの作成 .....                         | 4-19 |
| RDG へのバリエーションの決定 .....                 | 4-23 |
| アライメントされたコンセンサス シーケンスからの RDG の作成 ..... | 4-26 |

## この章のワークフロー

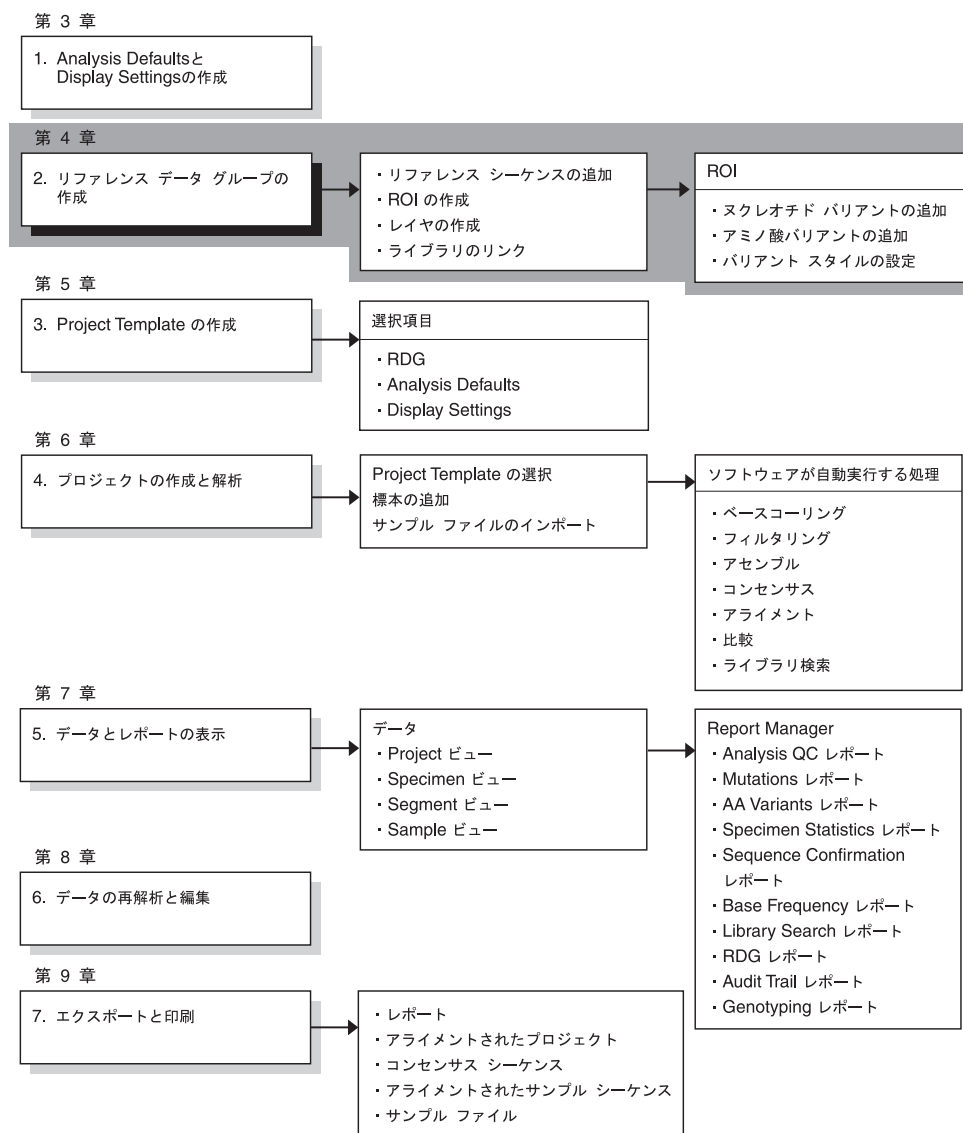


図 4-1 リファレンス データ グループの作成手順の位置付け

## リファレンス データ グループ (RDG)

### リファレンス データ グループについて

リファレンスデータ グループは、ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 がリファレンス シーケンスに対してコンセンサス セグメントを比較する際のシーケンスを定義し、またリファレンス シーケンスとリファレンスに関連するデータで構成されます。リファレンス シーケンスは、リファレンス ブレークで区切られた 1 つ以上のリファレンス セグメントから成り、プロジェクトの「バックボーン」シーケンス全体を構成します。

RDG には、遺伝子 / 解析に固有な情報がすべて含まれ、次の内容で構成されます。

- 1 つ以上のリファレンス セグメントで構成される連続または不連続のシーケンスを含むリファレンス シーケンス
- ヌクレオチド バリエーション
- アミノ酸バリエーション
- 翻訳コドン表
- プロジェクトで解析単位となるレイヤ、表示および翻訳のためレイヤにグループ化された対象領域 (ROI)
- 関連するアレル ライブラリ
- プロジェクト内のバリエーションを識別するためのユーザ定義のスタイル

リファレンス セグメントは、単一の連続した DNA シーケンスに対応する、リファレンス シーケンスの連続したセグメントです。これは、対象領域でもあります。リファレンス セグメントは、次のファイルで構成されます。

- 解析済みサンプル ファイル
- テキストのみの形式、FASTA、または .seq ファイル
- GenBank 形式のファイル

### GenBank の機能

各 GenBank エントリには、連続したシーケンスが 1 つずつ関連付けられています。これはソース機能とも呼ばれます。このシーケンスには、常に 1 から番号が付けられます。

このため、単一の GenBank エントリに関連付けられたシーケンスは、拡張 RDG で単一のリファレンス セグメントに書き換えられます。デフォルトでは、このセグメントにあるベース ROI への番号付けは 1 から始まるように設定されています。

すべての GenBank エントリには、機能表があります。これらの機能は、拡張 RDG で対象領域とレイヤに書き換えられます。次の表で {} で囲まれた項目は、その機能キーに対して読み取られる qualifier を示します (たとえば、{gene} は \gene qualifier の値です)。qualifier がない場合は、“” に置き換えられます。

表 4-1 GenBank の機能表

| GenBank の機能  | 対応する拡張 RDG の項目                                                                                                                                                                                                                                           |
|--------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ソース          | スキップされます。ソース機能は、自動作成されるリファレンス セグメント全体に関連付けられる対象領域に相当します。                                                                                                                                                                                                 |
| エクソン         | {gene}_exon{number} という対象領域が作成されます。デフォルトで書き換え可能です。                                                                                                                                                                                                       |
| イントロン        | {gene}_intron{number} という対象領域が作成されます。デフォルトでは書き換えできません。                                                                                                                                                                                                   |
| 遺伝子          | {gene}_gene という対象領域が作成されます。デフォルトで書き換え可能です。                                                                                                                                                                                                               |
| CDS          | (({gene}) {product})_CDS というレイヤが作成されます。この CDS に対応する書き換え可能な対象領域が存在する場合、これらの領域からレイヤが作成されます。それ以外の場合、必要に応じて新規の対象領域が作成されます。新規の ROI は {layerName}_region1, {layerName}_region2 などの名前になります。書き換えフレームと方向は、CDS qualifier (complement() および \codon_start) から抽出されます。 |
| misc_feature | {note} という対象領域が作成されます。デフォルトでは書き換えできません。                                                                                                                                                                                                                  |
| 未知の機能        | {feature key} という対象領域が作成されます。デフォルトでは書き換えできません。                                                                                                                                                                                                           |

この書き換え表を使用して、固有な名前を持たない多数の ROI を作成することが可能です (たとえば、エントリに機能のバリエーションが多数存在する場合)。

## GenBank ファイルのダウンロード

インターネットから GenBank ファイルをダウンロードするには

1. Web ブラウザを開き、次の URL を入力します。  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
2. 「Search」メニューで「Nucleotide」を選択します。
3. 「for」テキスト ボックスにリファレンス シーケンスで使用するヌクレオチドを入力し、「Go」をクリックします。
4. 目的のシーケンスが見つかったら、Accession No. の左側のチェック ボックスを選択します。
5. このページの上部にある (「Display」の横の)「Genbank」を選択し、「Send to File」を選択します。ファイルが指定場所に保存されます。このファイルは RDG にインポートできます。ファイルには .gb、.fcgi、または .cgi 拡張子を使用できます。

## 新規のリファレンス データ グループ (RDG) の作成について

**重要！** 新規 RDG を設定できるのは、アドミニストレータまたはサイエンティスト グループのユーザのみです。各グループに適用される権限のリストについては、付録 D の「ユーザの権限」を参照してください。

新規 RDG の作成は次の方法で行えます。

- RDG ウィザードを使用して表示される指示に従います。
- 「SeqScape Manager」ウィンドウを使用して未入力の RDG を開きます。

RDG の各ウィンドウについて理解するため、必要に応じて次の RDG ウィザードの手順に従ってください。その後、SeqScape Manager を使用して RDG を作成してください。4-9 ページの「SeqScape Manager を使用した新規 RDG の作成」を参照してください。

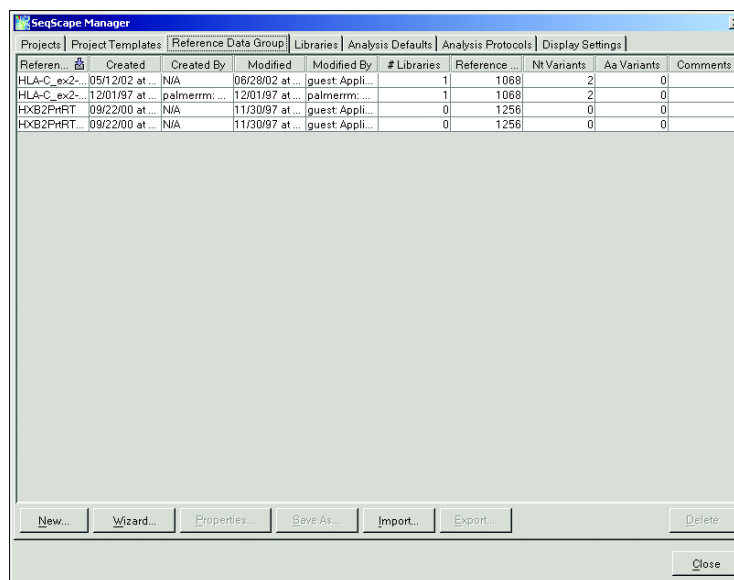
## ウィザードを使用した新規 RDG の作成

### ウィザードを使用したソフトウェアの理解

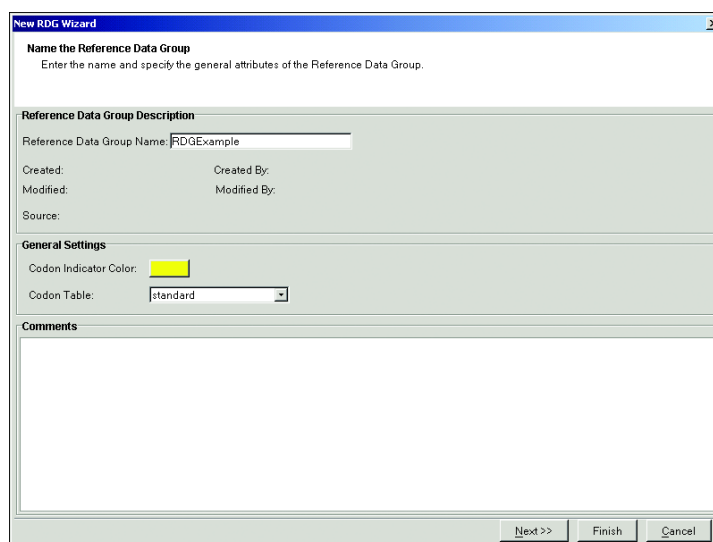
SeqScape Manager のウィザードを利用すると、新規 RDG の設定について理解することができます。

RDG ウィザードを使用して RDG を作成するには

1. SeqScape のメイン ウィンドウで、「Tools」>「SeqScape Manager」を選択します。
2. 「Reference Data Group」タブを選択し、このページの下部にある「Wizard」をクリックします。

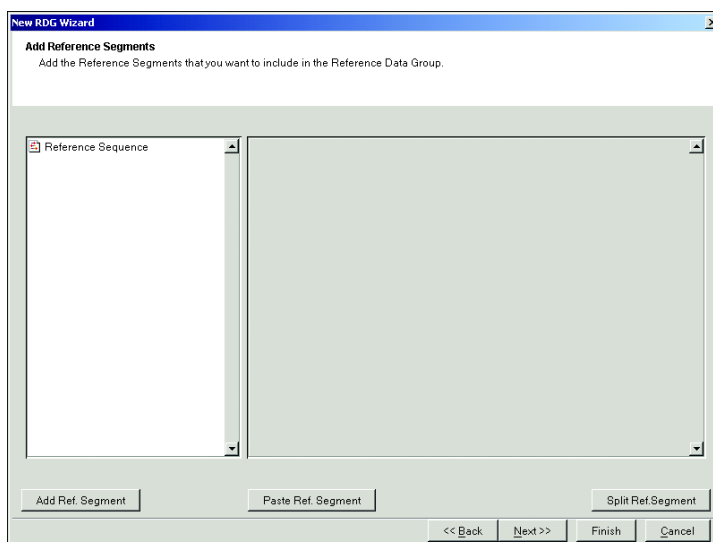


3. Windows ファイル システムに準拠した新規 RDG の名前を入力します。2-9 ページの「ファイル命名規則」を参照してください。

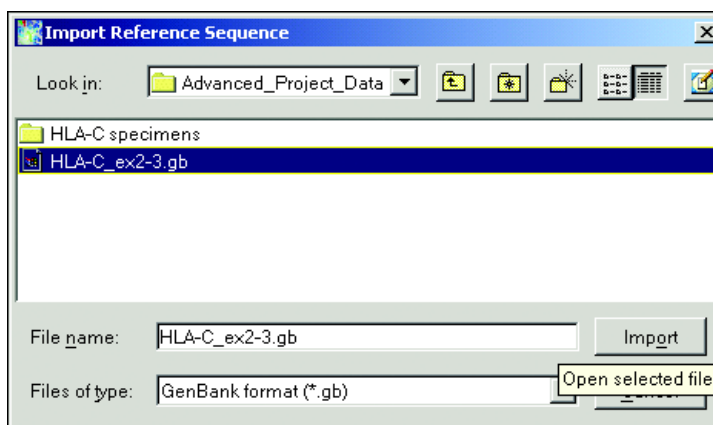


4. 必要に応じて、「Codon Indicator Color」の黄色のボックスをクリックし、新しい色を選択します。
5. 次に、使用する「Codon Table」を選択します。

6. 「Next」をクリックします。次のページに「Reference Sequence」ペインが表示されます。リファレンス シーケンスは、比較のためのバックボーンを構成し、1つ以上のリファレンス セグメントから成ります。
7. 左下の「Add Ref. Segment」をクリックし、「Reference Sequence」にセグメントを追加します。リファレンス セグメントは、テキスト ファイルまたは GenBank ファイルからインポートされた単一のシーケンスです。



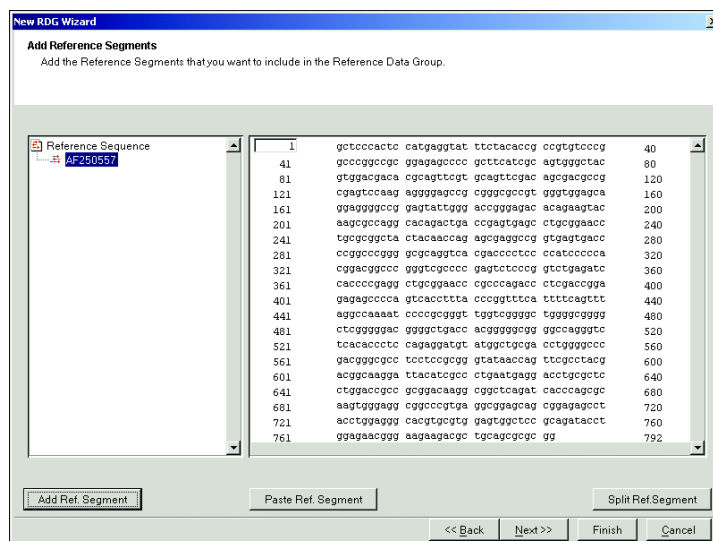
8. GenBank ファイルなど、リファレンス シーケンスが格納されたファイルに移動します (ファイル拡張子が .gb の場合があります)。



**重要！** ウィンドウで、ソフトウェアのインストール時に設定したディレクトリが開きます。デフォルト ディレクトリが指定されていない場合、ウィンドウで C:\ ドライブが開きます。デフォルト ディレクトリを設定するには、「Tools」>「Options」>「General」を選択し、「Browse」をクリックしてディレクトリを指定してください。



9. 「Import」をクリックします。次の図に示すように、インポートされたシーケンスがダイアログボックスの右側のペインに表示されます。



10. 「Next」をクリックします。

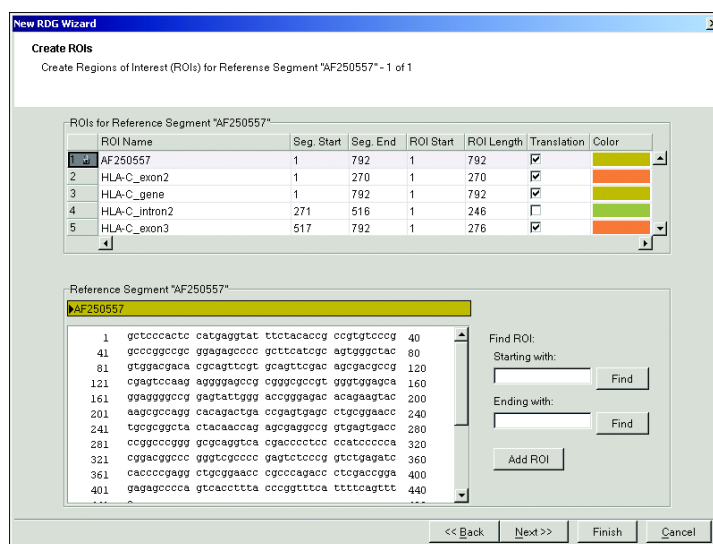
注：「Paste Ref. Segment」ボタンの使用手順については、4-12 ページの「リファレンス セグメントのペースト」を参照してください。「Split Ref. Segment」ボタンの使用手順については、4-21 ページの「シーケンスへのリファレンス ブレークの追加」を参照してください。

ウィザードは、新規レイヤを追加し、そのレイヤに対象領域（ROI）を追加するための指示に進みます。ROI は、エクソン、イントロン、スプライス ジャンクション、その他の機能を定義するリファレンス セグメントの領域です。

## リファレンス セグメントの設定

### リファレンス セグメントを設定するには

- リファレンス シーケンス（またはバックボーン）と比較する、該当領域の塩基を選択します。「Reference Segment」ペインで、ドラッグして塩基を選択するか、「Find ROI」ラベルの下に開始塩基と終了塩基を入力します。



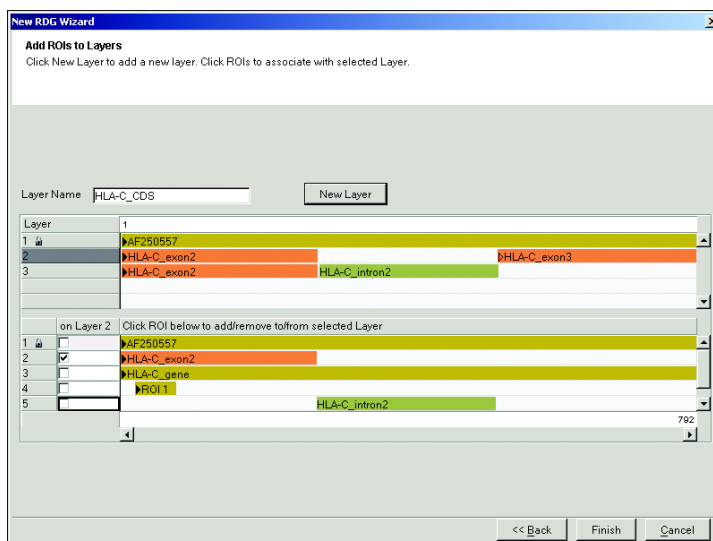
- 「Add ROI」をクリックし、シーケンスの上に表示される「ROI」ペインの ROI 表にセグメントを追加します。必要な数だけ ROI を追加します。

3. 「Next」をクリックします。
4. 指示に従ってレイヤを追加し、このレイヤに ROI を追加します。レイヤ 1 はソフトウェアによって作成されてロックされ、常にリファレンス シーケンスになります。「New Layer」をクリックし、追加する各レイヤに名前を付けます。

**重要！** 混乱を避けるため、追加する各レイヤには固有の名前を付けてください。

5. 「Layer」ペインの「Layer」ラベルの下に表示される新規レイヤをクリックし、「ROI」ペインで ROI の「on Layer」チェック ボックスを選択し、選択したレイヤに関連付けます。作成するレイヤごとにこの操作を行います。

**重要！** 1 つのレイヤで、相互にオーバーラップする ROI を定義することはできません。



6. 「Finish」をクリックするか、選択内容を変更する場合は「Back」をクリックします。  
新規作成した RDG が「Reference Data Group」リストに表示されます。

# SeqScape Manager を使用した新規 RDG の作成

**作業を開始する前に** SeqScape Manager を使用して新規 RDG を作成するには、アドミニストレータ (Administrator) またはサイエンティスト (scientist) 権限が必要です。

新規 RDG を作成する前に、次の作業を完了してください。

- GenBank ファイルまたは FASTA テキスト ファイルをダウンロードするか、コンピュータにリファレンス シーケンスを保存する
- リファレンス シーケンスに対して比較する ROI、レイヤ、セグメントを定義する

**SeqScape Manager からの RDG の作成** リファレンス データ グループを作成するために必要な作業は、次のとおりです。

- リファレンス セグメントをインポートする
- ROI を作成する
- レイヤを作成する

**SeqScape Manager から新規 RDG を作成するには**

1. SeqScape のメイン ウィンドウで、「Tools」>「SeqScape Manager」を選択し、「Reference Data Group」タブを選択します。
2. 「New」をクリックします。
3. 「General」タブで、「Reference Data Group Name」フィールドに名前を入力します。「General」タブには、RDG に関する一般情報が表示されます。
4. 必要に応じて Codon 表の種類を選択し、コメントを追加します。
5. 「ROI」タブを選択します。

**重要！** 「OK」をクリックしないでください。RDG の設定には、さらに手順が必要です。

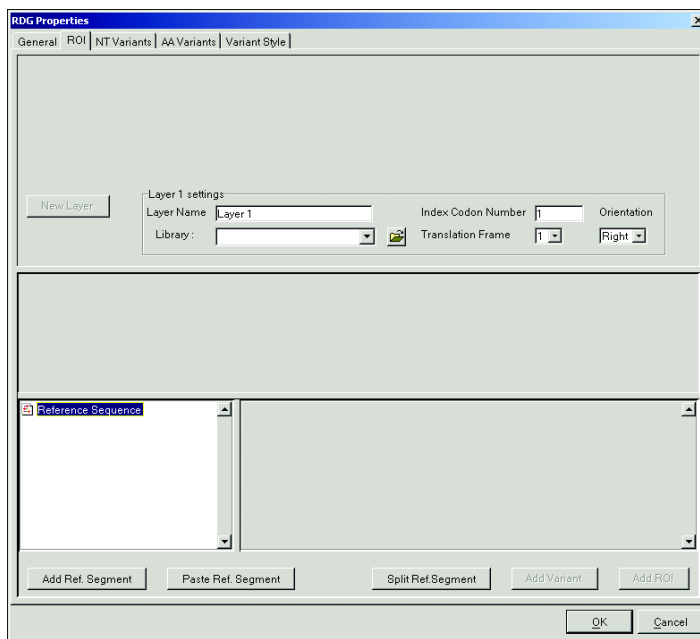
**リファレンス シーケンスについて** リファレンス シーケンスは、1 つ以上のリファレンス セグメントから成り、その他すべてのシーケンスや対象領域の比較対象となるバックボーンまたはリファレンスを構成します。RDG へのインポート後にリファレンス シーケンスを変更または編集することはできません。

## リファレンス セグメント のインポート

リファレンス シーケンスを作成するには、1 つ以上のセグメントをインポートする必要があります。

### リファレンス セグメントをインポートするには

1. 「ROI」タブが開いていない場合は、「ROI」タブを選択します。表示されるダイアログボックスの左下ペインに、プレースホルダとして「Reference Sequence」が表示されます。



2. 左下の「Add Ref. Segment」をクリックし、リファレンス シーケンスにセグメントを追加します。
3. リファレンス シーケンスが含まれるファイルへ移動します。このファイルには、GenBank ファイルまたはコンピュータに保存したファイルを使用できます（ファイル拡張子が .gb の場合があります）。

4. 「Import」をクリックします。

リファレンス シーケンスはレイヤ 1 に存在します。レイヤ 1 はロックされているため、修正できません。

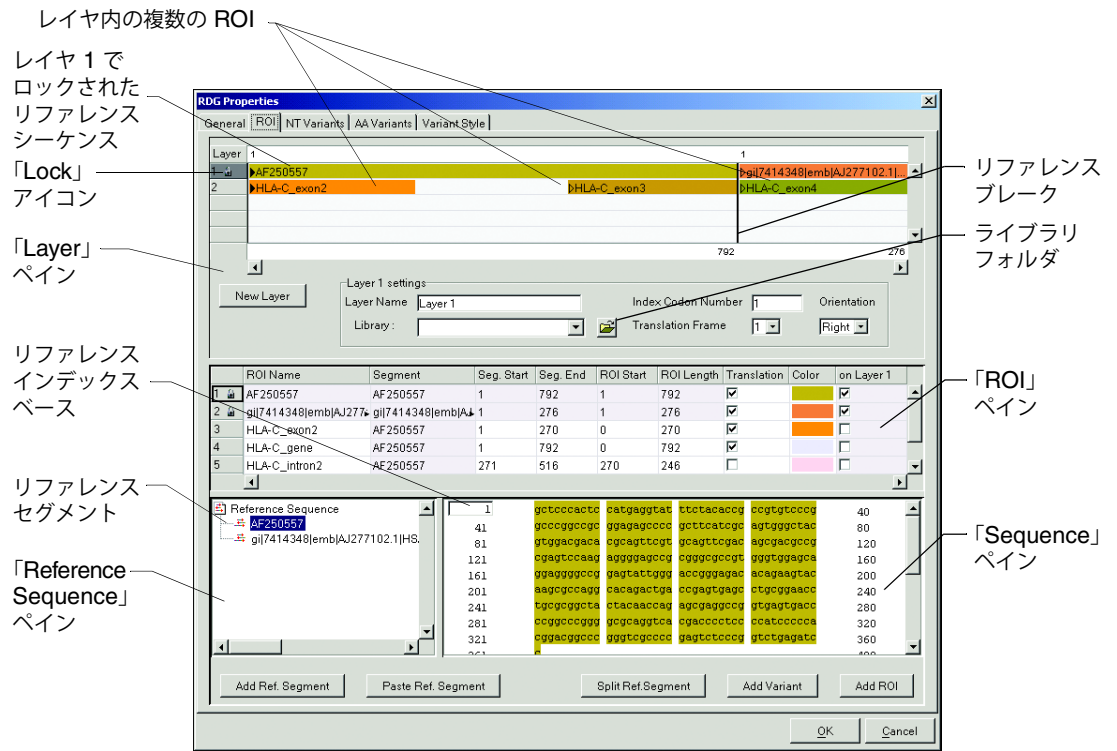


図 4-2 「RDG Properties」ダイアログ ボックスの「ROI」タブ

## 対象領域（ROI）の定義

**ROI の定義** 各リファレンス セグメントには、それぞれロックされた ROI が存在します。定義する ROI を特定し、この情報を使用してソフトウェアで ROI を定義します。ただし、GenBank ファイルを使用する場合は、ROI または機能はすでに定義されています。必要に応じて、その他の ROI を解析に追加することもできます。

### ROI を定義するには

1. 「ROI」タブで、空白のレイヤまたは ROI を定義するレイヤを選択します。
2. 「Nucleotide Sequence」ペインでセグメントを選択し（ドラッグして対象領域を選択します）、「Add ROI」をクリックします。
3. 「ROI」ペインの「ROI Name」カラムの下に ROI の名前を入力します。
4. 対象領域をドラッグして選択するかテキスト ボックスに ROI の開始番号を入力して、必要な数だけ ROI を定義します。

### リファレンス セグメントのペースト

テキスト エディタまたはワープロ プログラムでシーケンスを作成または入力し、後でそのセグメントを RDG にコピーすることができます。

ペーストしてリファレンス セグメントを定義するには

1. テキスト ファイルを開き、リファレンス セグメントとして使用する対象領域をクリックとドラッグによって選択します。
2. 「Edit」>「Copy」を選択します。
3. 「RDG Properties」ダイアログ ボックスの「ROI」タブで「Paste Ref. Segment」をクリックし、クリップボードにコピーしたリファレンス セグメントを使用します。コピーしたリファレンス セグメントが「Reference Sequence」ペインに表示されます。
4. コピーしたリファレンス セグメントを削除するには、セグメントを選択して [Delete] キーを押し、「Confirmation」ダイアログ ボックスで「OK」をクリックします。

### ROI またはレイヤの削除

ROI またはレイヤ、リファレンス セグメントを削除するには

1. ROI、レイヤ、またはセグメントを選択します。
2. [Delete] キーを押します。削除できるのは、ロックされていない行のみです。
3. 削除されたことをソフトウェアで確認します。

**重要！** オブジェクトの削除後、この操作を元に戻すことはできません。

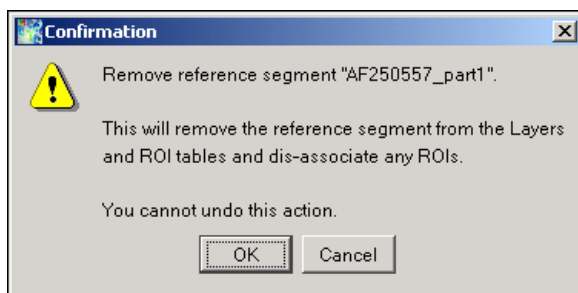
### リファレンス セグメントの削除

開いている「RDG Properties」ウィンドウにプロジェクトが関連付けられていない場合、リファレンス セグメントを削除することができます。「Reference Sequence」ペインで選択したリファレンス セグメントを右クリックするとポップアップ メニューが開き、選択したセグメントを名前変更または削除することができます。

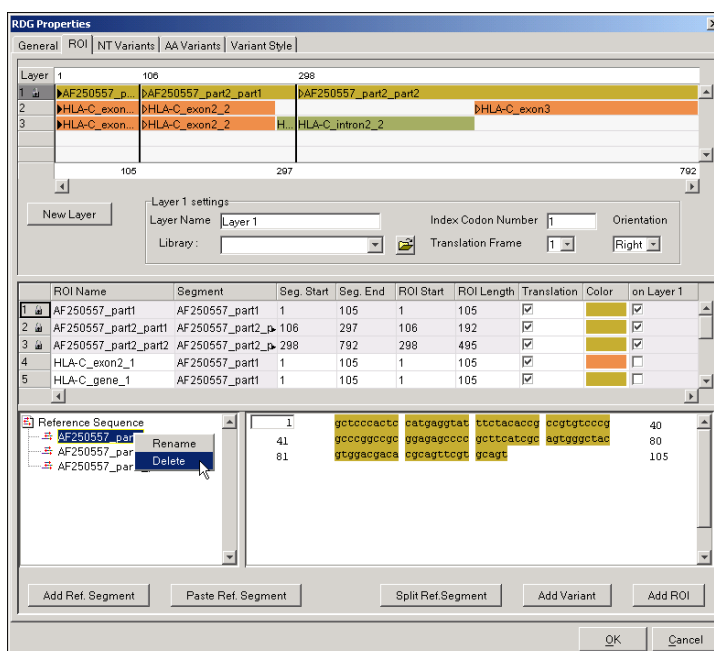
**注：** リファレンス セグメントとレイヤ 1 はロックされているレイヤに存在するため、「Layer」ペインで選択して [Delete] キーで削除することはできません。また、開いている既存プロジェクトで使用されている場合も削除できません。

## リファレンス セグメントを削除するには

1. SeqScape Manager で「Reference Data Group」タブを選択し、削除するリファレンス セグメントが含まれる RDG をハイライトします。
2. 「Properties」をクリックし、「ROI」タブをクリックします。
3. 「Reference Sequence」ペインで、削除するリファレンス セグメントをハイライトします。
4. 右クリックして、ポップアップメニューから「Delete」を選択します。  
「Confirmation」ダイアログ ボックスが開きます。



5. 「Confirmation」ダイアログボックスで「OK」をクリックします。「OK」のクリック後、削除操作を元に戻すことはできません。



## 「ROI」 タブの説明

「Layer」 ペインの機能 「ROI」 タブの「Layer」 ペイン（4-11 ページの図 4-2 を参照してください）には、次の機能があります。

- Layers - レイヤ 1 でロックされているリファレンス シーケンスと各レイヤに関連付けられた ROI が表示されます。
- 「New Layer」 ボタン - 新規レイヤを Layer 表の最後に追加します。
- Layer（レイヤ番号）Settings - 選択したレイヤの設定。各レイヤは固有の設定を持ちます。
- Layer Name - レイヤの名前。編集可能です。
- Library - アレルまたはハプロタイプの検出を実行する場合に選択するライブラリが含まれます。関連付けるライブラリを選択するまで、「Library」 フィールドは未入力になります。ライブラリは RDG にコピーできますが、「Library」 ドロップダウン リストから選択するまで関連付けられません。ライブラリを選択すると、「Library」 フィールドにそのライブラリの名前が表示されます。
- Index Codon Number - 最初のアミノ酸番号が示されます。この番号は、常にリファレンス セグメントの最初の塩基の番号に関連しています。正の番号のみです。
- Translation Frame - レイヤの翻訳フレームを設定します。値は 1、2、3 です。
- Orientation - レイヤの方向を右（フォワード）または左（リバーズ）に設定します。

「ROI」 ペイン 「ROI」 ペインには次の機能があります。

- 行をクリックすると、ROI が選択されます。RDG 内の ROI を選択すると、リファレンス セグメントと関連するシーケンスが選択され、スクロールします。
- リファレンス セグメントのインポート時に作成される最初の ROI はロックされ、「Lock」 アイコンで示されます。これらの最初の ROI は ROI 表からは削除できませんが、右クリックして「Delete」を選択し、「Reference Sequence」ナビゲーション ペインから削除することができます。



「ROI」ペインのカラム 「RDG Properties」ダイアログボックスの中央にある「ROI」ペインには、次のカラムがあります。

- **ROI numbers** - ROI の番号。レイヤ 1 のリファレンス シーケンスは、常にロックされます。リファレンス シーケンスを構成するリファレンス セグメントもロックされます。ロックされていないレイヤはリファレンス セグメントの下に表示され、編集が可能です。
- **ROI Name** - ROI の名前。ロックされておらず、編集可能な ROI 名。ROI 名は固有である必要があります。

注：「ROI」ペインでリファレンス セグメントの名前を編集することはできません。編集するには、「Reference Sequence」ナビゲーション ペインでセグメントを右クリックし、「Rename」を選択します。

- **Segment** - ROI が関連付けられているセグメントの名前。
- **Seg. Start** - ROI が開始されるリファレンス シーケンスのヌクレオチド番号。
- **Seg. End** - ROI セグメントの終了位置。
- **ROI Start** - この ROI に割り当てる最初のヌクレオチド番号。正または負の番号を使用できます。
- **ROI Length** - ROI の長さ。「Segment Start」または「ROI Length」の値を変更すると、この値は自動的に再計算されます。このセルに数値を入力すると、「ROI Length」の値が自動的に再計算されます。
- **Translation** - ROI を翻訳するかどうかを設定します。
- **Color** - ROI の色が表示されます。ROI の色を変更するには、クリックして標準の「Color Picker」ダイアログボックスを表示します。

注：ROI を定義した時点では、ROI の名前に基づいてデフォルトの色が適用されます。

- **On Layer (number)** - チェック ボックス。このカラムのラベルは、選択したレイヤに応じて変化します。チェック ボックスを選択すると、選択したレイヤ上に ROI が取り込まれます。ROI は複数のレイヤに関連付けることができます。ただし、同じレイヤで ROI がオーバーラップすることはできません。すなわち、「ROI Start」/「ROI Length」の範囲がすでにレイヤに関連付けられている ROI の範囲とオーバーラップしている場合は、このチェック ボックスは使用できなくなります。これにより、Layer 表で ROI のオーバーラップを回避することができます。オーバーラップする ROI を選択しようとすると、ダイアログボックスが表示されます。

## ライブラリの作成

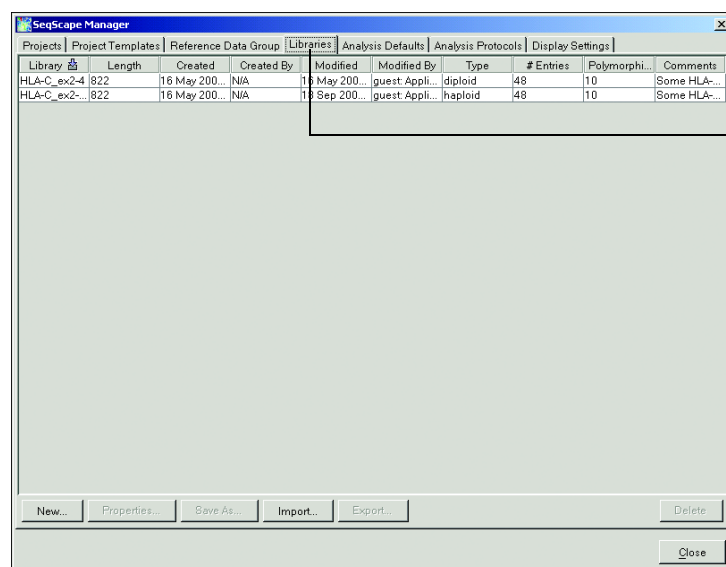
- ライブラリについて** ライブラリをハプロイドまたはディプロイド ライブラリとして分類し、各コンセンサス シーケンスについて表示するライブラリ マッチの数を指定する必要があります。ライブラリ マッチは、1つのアレル、または各コンセンサス シーケンスにほぼ一致するアレルの対です。
- ハプロイド ライブラリには、単一の塩基のみ（AGCT）を持つシーケンスが含まれます。ハプロイド ライブラリに対して検索を実行すると、SeqScape ソフトウェアによってライブラリ マッチが検出されます。各ライブラリ マッチには、各コンセンサス シーケンスのジェノタイプに最も近いシーケンス（ハプロタイプ）の対が含まれます。
- ディプロイド ライブラリには、単一の塩基のみ、または単一の塩基とミックス ベースで構成されるシーケンスが含まれます。ディプロイド ライブラリに対して検索を実行すると、SeqScape ソフトウェアによってライブラリ マッチが検出されます。各ライブラリ マッチは、各コンセンサス シーケンスのジェノタイプに最も一致する単一のシーケンスです。
- アライメントされた FASTA ファイルの使用** ライブラリ検索機能を使用するには、アライメントされた多重シーケンス FASTA ファイルを SeqScape ソフトウェアにインポートする必要があります。一連の FASTA シーケンスがある場合、ファイルをソフトウェアにインポートする前に、ツールを使用してこれらのシーケンスをアライメントし、単一のアライメントされた多重シーケンス FASTA ファイルを作成する必要があります。
- 重要！** ライブラリ内のすべてのシーケンスの長さは同じである必要があります。他のシーケンスより短いシーケンスが存在する場合、ダッシュ（-）を使用して塩基の不足分を補うことができます。
- ツールを使用したファイルのアライメント** 一連のテキスト シーケンスまたはエレクトロフェログラムがある場合、FASTA ファイルを作成し、ツールを使用してこれらのシーケンスをアライメントして単一のマルチ アライメント FASTA ファイルを作成する必要があります。
- 一般に、アライメントされた多重シーケンス FASTA ファイルの作成には、Clustal X を使用します。Clustal X の入手方法と使用手順については、付録 F「マルチ アライメント FASTA ファイルの作成」を参照してください。

## ライブラリの設定

注：次の「ライブラリの設定」の手順を確認してから、次の 4-19 ページの「新規レイヤの作成」のセクションに進んでください。新規レイヤの作成手順に進む前に、次の手順でライブラリを選択してください。

## ライブラリを設定するには

1. SeqScape のメイン ウィンドウで、「Tools」>「SeqScape Manager」を選択し、「Libraries」タブを選択します。



SeqScape Manager の「Libraries」タブ

2. 「New」を選択します。
3. Library Editor の「General」タブで、新規ライブラリの名前を入力し、「Haploid」または「Diploid」を選択します。

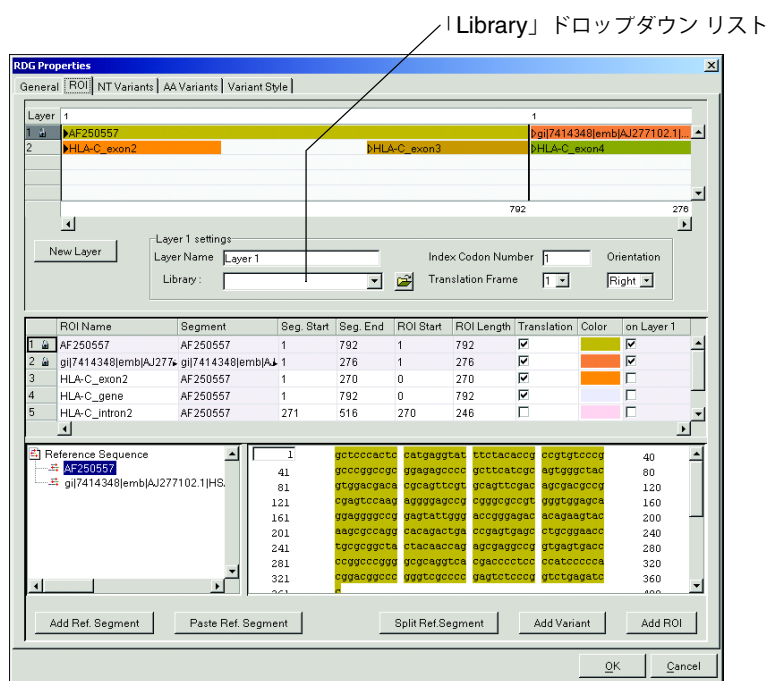


4. 「Entries」タブを選択し、「Import」をクリックします。

5. アライメントされた多重シーケンス FASTA ファイルをインポートし、「OK」をクリックします。
6. SeqScape Manager で「Reference Data Group」タブを選択し、ライブラリにリンクする RDG を選択します。
7. 「Properties」をクリックし、「ROI」タブをクリックします。

注：この時点で、RDG にレイヤが存在しないか、レイヤの作成方法が不明な場合は、4-19 ページの「新規レイヤの作成」に進んでください。それ以外の場合、次の手順に進みます。

8. 「Layer」ペインでレイヤを選択します。
9. 「Library」ドロップダウン リストで、手順 2 ～ 5 で作成した対応するライブラリを選択します。

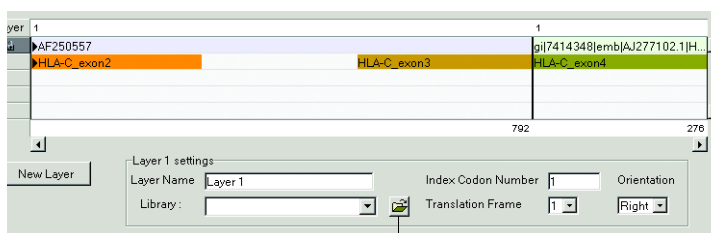


## 新規レイヤの作成

レイヤは、関連した非オーバーラップの ROI のグループを編成します。ROI をレイヤに編成することで、結果の確認とライブラリの検索を短時間でより正確に行えるようになります。Layer 表には、レイヤに編成された ROI が表示されます。

### 新規レイヤを作成するには

1. 「ROI」タブの「Layer」ペインで「New Layer」をクリックし、「Layer Name」フィールドに名前を入力します。
2. 「Layer」ペインで、「Layer」ラベルの下レイヤをクリックして選択します。ライブラリの詳細については、4-16 ページの「ライブラリの作成」を参照してください。
  - a. アレルまたはハプロタイプの検出を実行する場合、「Library」ドロップダウン リストからライブラリを選択します。
  - b. ライブラリ フォルダ アイコンを選択し、Library Editor を開いてエントリを表示します。



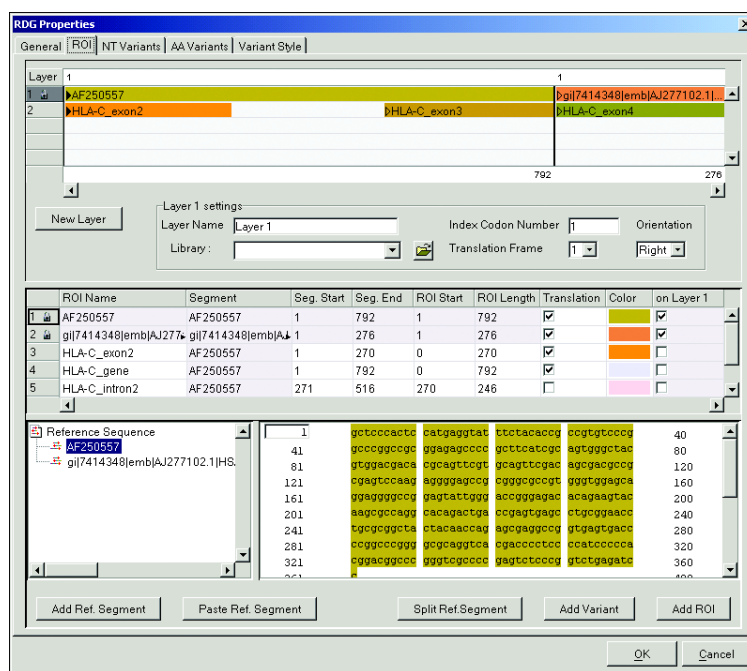
Library Editor を開くときにクリックします。

**注:** 「Library」ドロップダウン リストで選択したライブラリが、「Layer Name」フィールドのレイヤに関連付けられます。

次の例に示すような Library Editor が開きます。



- c. 「Layer」 ペインで、「Index Codon Number」に入力します。
  - d. 「Translation Frame」を選択します。
  - e. 「Orientation」を選択します。
- 「Reference Sequence」 ペインで適切なリファレンス セグメントを選択し、ROI を表すシーケンスをハイライトして「Add ROI」をクリックします。  
ROI が「ROI」 ペインと選択したレイヤに追加されます。
  - このプロセスを繰り返し、定義した ROI とレイヤがすべて含まれるレイヤを構築します。
  - ROI を編集するには、「ROI」 ペインで属性を選択し、表で直接編集します。
  - ロックされていないレイヤに既存の ROI を含めるには、レイヤを選択するか作成し、その ROI の「On Layer」チェック ボックスを選択します。



**重要！** バリエントを追加するには、4-23 ページの手順に従ってください。「OK」をクリックしないでください。バリエントを追加しない場合は、次の手順に進んでください。

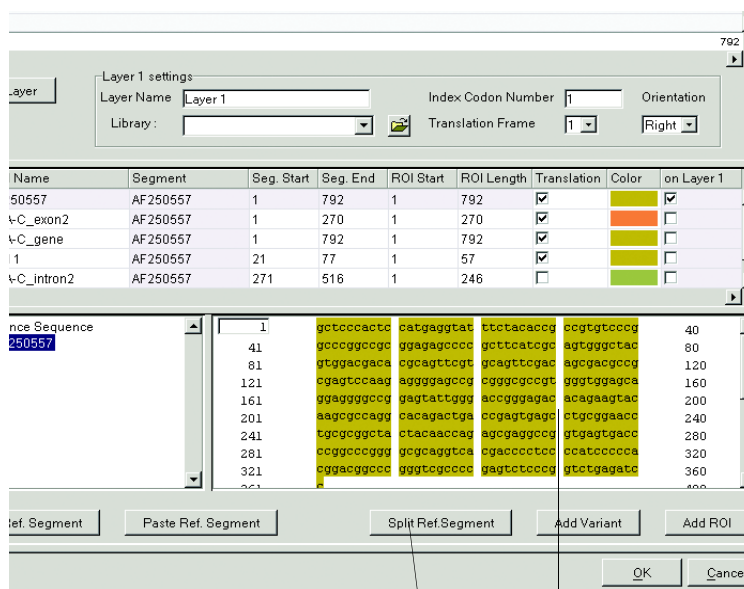
- ROI とレイヤの追加を完了したら、「OK」をクリックします。新規 RDG が「Reference Data Group」リストに表示されます。

## シーケンスへのリファ レンス ブレークの追加

「Split Ref. Segment」ボタンを使用すると、リファレンス シーケンスにリファレンス ブレークを追加することができます。リファレンス ブレークにより、間にあるリファレンス シーケンスを削除したい場合に、リファレンス セグメントを分割できます。リファレンス セグメントを分割すると、そのリファレンス セグメントに関連付けられた ROI も分割されます。

### リファレンス ブレークを追加するには

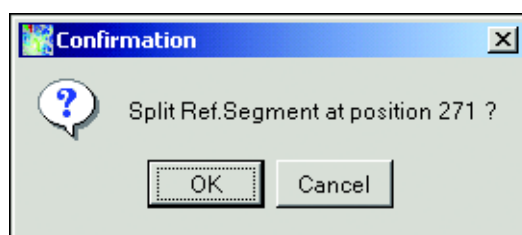
1. 「ROI」タブの「Sequence」ペインで、分割する塩基の位置を選択し、「Split Ref. Segment」をクリックします。



次に「Split Ref. Segment」ボタンをクリックします。

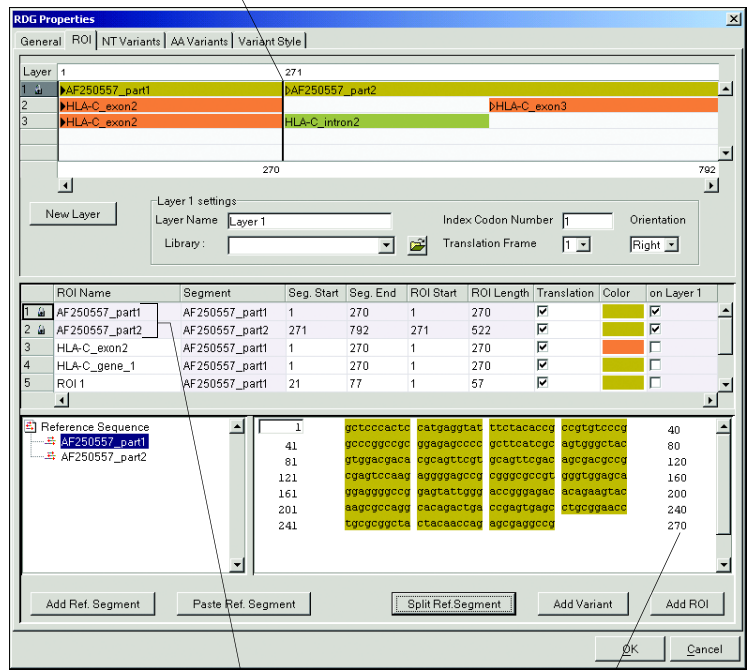
ブレークの位置をクリックします。

2. リファレンス ブレークの位置を確認するダイアログ ボックスが開きます。「OK」をクリックします。



次の画面に示すように、「Layer」ペインのリファレンス シーケンスに新規のリファレンス ブレークが表示されます。これで、「ROI」タブの「Layer」ペインに示されたリファレンス シーケンスは、ロックされた 2 つのレイヤに分割されました。最初のセグメントは 270 の位置で終了し、2 番目のセグメントは 271 の位置から始まっています。「Sequence」ペインには、270 の位置で終了する最初のセグメントが示されています。

271 の位置にある  
新規のリファレンス  
ブレーク



リファレンス シーケンス  
内の 2 つのセグメント

270 の位置で終了する  
最初のセグメント



## RDG へのバリエーションの決定

NT バリエーションについて 「RDG Properties」 ダイアログ ボックスの「NT Variants」タブには、リファレンス シーケンスに関連付けられた既知のヌクレオチド バリエーションのリストが表示されます。このタブで定義するエントリは、プロジェクトで既知および未知のバリエーションを検出するために使用されます。

次の方法で NT バリエーションを入力することができます。

- 「ROI」タブで「Add Variant」をクリックし、「New NT Variant」ダイアログ ボックスでバリエーション属性を入力します。
- タブで区切られた形式でバリエーションの表を作成し、このファイルを保存して NT バリエーション ファイルにインポートします。

バリエーションの表を作成する 1 つの手段として、Microsoft Excel を使用できます。Excel 表のカラムは、次に示す「NT Variants」タブのカラムに対応している必要があります。

| Type        | ROI         | Position | Reference | Variant | Style | Description | Used by all ROIs |
|-------------|-------------|----------|-----------|---------|-------|-------------|------------------|
| Change Base | HLA-C_exon3 | 75       | g         | M       | Known |             | yes              |
| Change Base | HLA-C_exon3 | 68       | g         | g       | Known |             | yes              |
| Change Base | AF250557    | 76       | g         | c       | Red   |             | yes              |

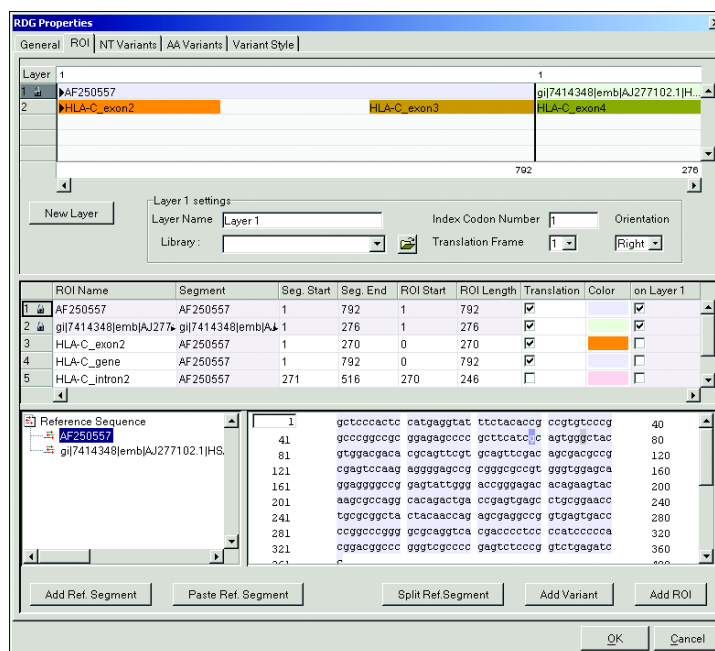
図 4-3 「NT Variants」タブに表示される表のカラム名

- アライメントされた FASTA ファイルをインポートします。
- リファレンス セグメント内のシーケンスを選択し、「Add Variant」をクリックします。この手順を次に説明します。

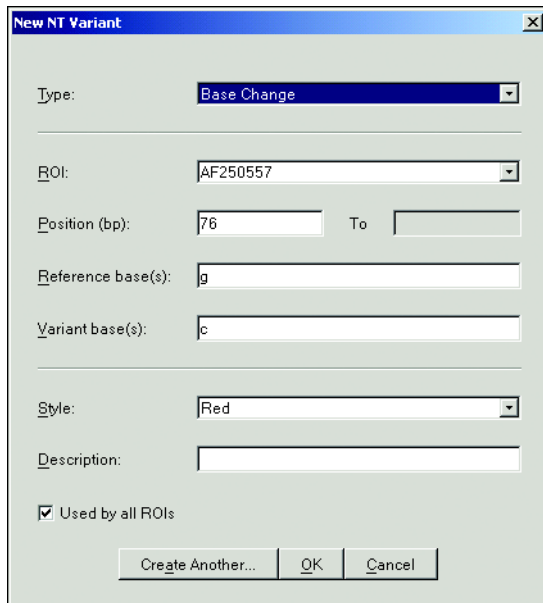
### 新規 NT バリエーションの作成

新規 NT バリエーションを作成するには

- SeqScape Manager で「Reference Data Group」タブを選択し、「Properties」をクリックします。
- 「ROI」タブを選択します。
- このタブのヌクレオチド シーケンス領域でドラッグしてシーケンスを選択し、「Add Variant」をクリックします。



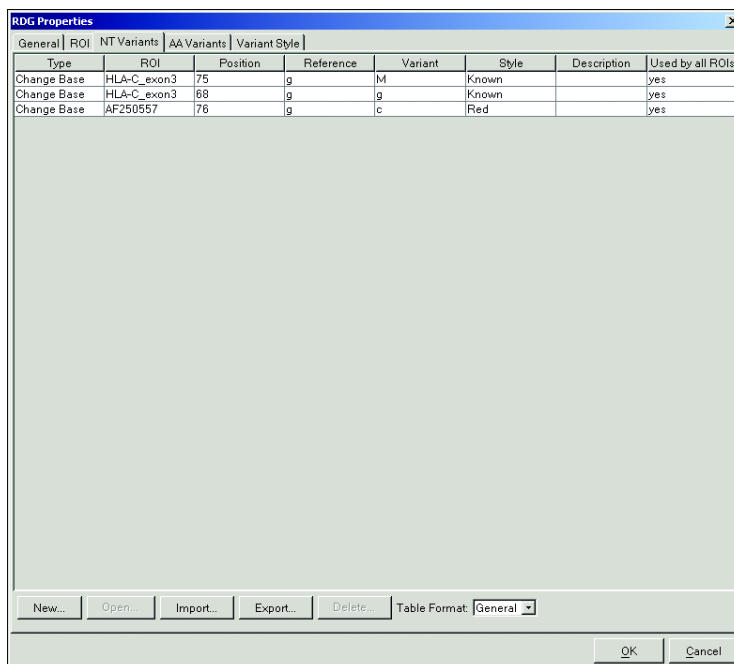
4. 「New NT Variant」ダイアログ ボックスで、バリエントの種類を「Insertion」、「Deletion」、「Base Change」から選択します。



The 'New NT Variant' dialog box is shown with the following fields and values:

- Type: Base Change (selected in dropdown)
- ROI: AF250557 (selected in dropdown)
- Position (bp): 76 (text input) To: (empty text input)
- Reference base(s): g (text input)
- Variant base(s): c (text input)
- Style: Red (selected in dropdown)
- Description: (empty text input)
- ☒ Used by all ROIs
- Buttons: Create Another..., OK, Cancel

5. 「Variant base」に入力します。
6. 必要に応じて、スタイルを変更して説明を入力します。
7. この NT バリエントをすべての ROI で使用する場合は、「Used by all ROIs」を選択します。
8. 「Create Another」をクリックするか、「OK」をクリックして変更を保存します。  
「OK」をクリックすると、追加したバリエントが「NT Variants」タブのリストに表示されます。



The 'RDG Properties' dialog box is shown with the 'NT Variants' tab selected. The table below displays the list of variants:

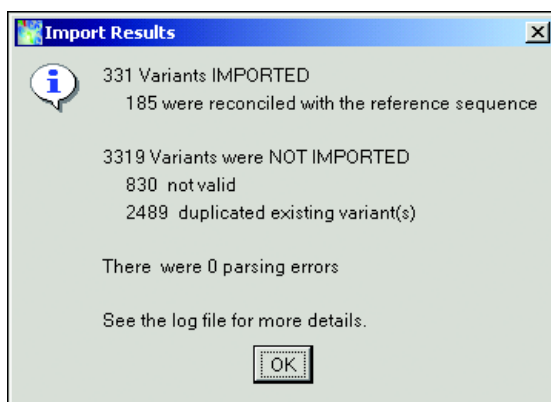
| Type        | ROI         | Position | Reference | Variant | Style | Description | Used by all ROIs |
|-------------|-------------|----------|-----------|---------|-------|-------------|------------------|
| Change Base | HLA-C_exon3 | 75       | g         | M       | Known |             | yes              |
| Change Base | HLA-C_exon3 | 68       | g         | g       | Known |             | yes              |
| Change Base | AF250557    | 76       | g         | c       | Red   |             | yes              |

Buttons at the bottom: New..., Open..., Import..., Export..., Delete..., Table Format: General (dropdown), OK, Cancel.

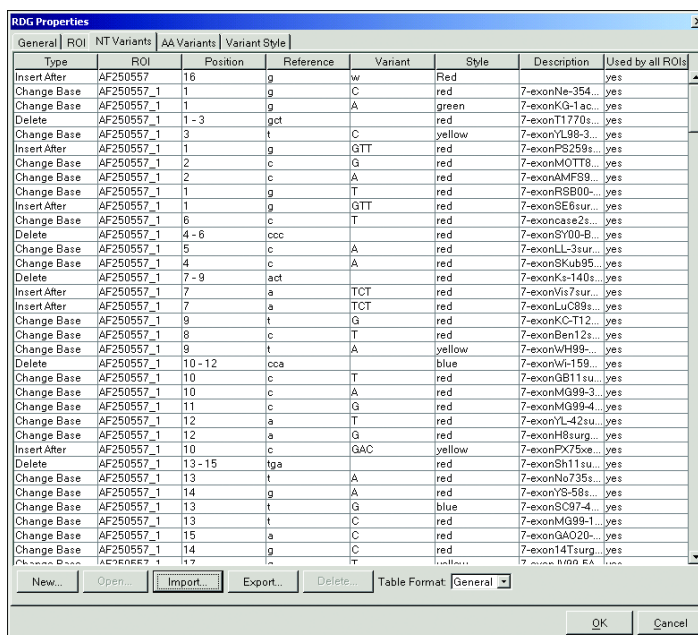
## タブで区切られた形式 の NT バリエーションの インポート

タブで区切られた NT バリエーション ファイルから NT バリエーションをインポートするには

1. SeqScape Manager で、「Reference Data Group」タブをクリックします。
2. リストから NT バリエーションのインポート先の RDG を選択します。
3. 「Properties」をクリックし、「ROI」タブをクリックします。
4. 「Import」をクリックします。
5. タブで区切られた NT バリエーション ファイルに移動し、「OK」をクリックします。
6. 「Import Results」ダイアログ ボックスが開き、次の例に示すようにインポートされたバリエーションの数が示されます。「OK」をクリックして「Import Results」ダイアログ ボックスを閉じます。



7. 新規バリエーションが「NT Variants」リストに表示されます。このウィンドウの下部にある「Table Format」では、「General」（デフォルト）または「Hugo」を選択できます。必要に応じて、ドロップダウン リストから形式を選択します。



8. 「OK」をクリックし、インポートしたバリエーションを保存して「RDG Properties」ウィンドウを閉じます。

## アライメントされたコンセンサス シーケンスからの RDG の作成

### RDG の作成について

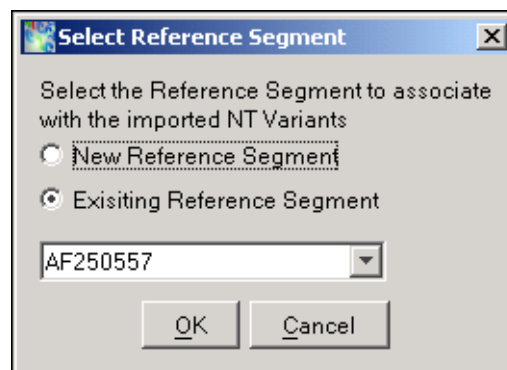
SeqScape ソフトウェアは、リファレンス シーケンスがまったく含まれない、未入力 of RDG にインポートされた一連のアライメントされたシーケンスから、新規リファレンス シーケンスとバリエーションを作成します。インポート後のアライメントされたシーケンスのファイルは、FASTA テキスト形式である必要があります。FASTA 形式の詳細については、付録 E「アライメントされたバリエーションと FASTA ファイル形式」を参照してください。

SeqScape ソフトウェアは、FASTA ファイルに含まれる一連のアライメントされたシーケンスのうち最初のシーケンスをリファレンスとして使用します。残りのシーケンスは、この最初のシーケンスに対して評価され、バリエーションが導き出されます。Variants 表への入力には、最初のシーケンスと異なることが検出された位置が使用されます。

### アライメントされた FASTA ファイルからの NT バリエーションのインポート

アライメントされた FASTA ファイルを使用して NT バリエーションをインポートするには

1. 「Tools」 > 「SeqScape Manager」を選択します。
2. 「Reference Data Group」タブをクリックし、バリエーションの追加先の RDG を選択します。
3. 「Properties」をクリックします。
4. 「RDG Properties」ウィンドウで、「NT Variants」タブを選択します。
5. 「Import」をクリックします。
6. 「Import NT Variants」ダイアログ ボックスで、アライメントされたシーケンス FASTA ファイル（.fasta 拡張子）を移動して選択します。
7. 「Import」をクリックします。
8. 「Select Reference Segment」ダイアログ ボックスで、バリエーションの追加先のリファレンス セグメントを選択します。

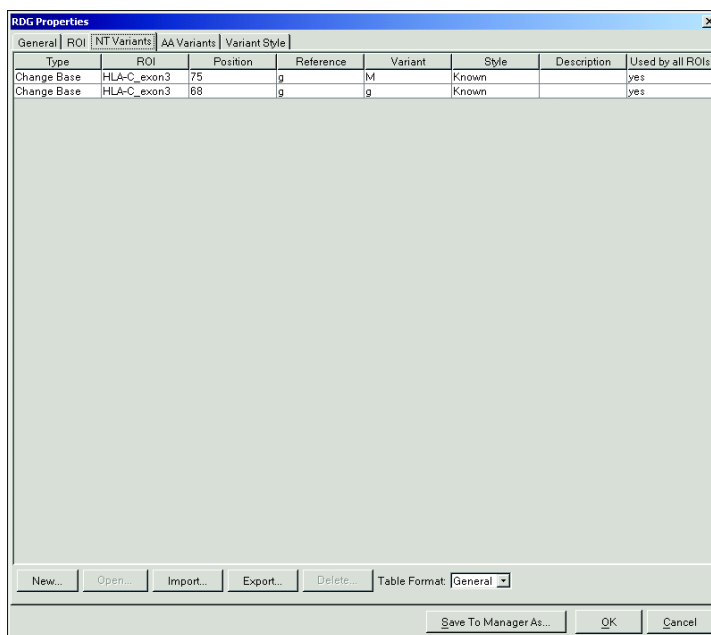


9. 「OK」をクリックします。

データをインポートすると、「Import Results」ダイアログ ボックスが開き、インポートに関する情報が表示されます。

インポートしたファイルの最初のシーケンスによってリファレンスが作成されます。残りのシーケンスは、最初のシーケンスと比較してバリエーションを引き出すために使用されます。これらのバリエーションは、Variants 表に表示されます。

10. 「OK」をクリックして「Import Results」ダイアログ ボックスを閉じます。バリエーションのリストが「NT Variants」タブに表示されます。



11. 「OK」をクリックして「RDG Properties」ウィンドウを閉じます。

## 新規 AA バリエーションの入力

「AA Variants」タブには、リファレンス シーケンスに関連付けられた既知のアミノ酸のリストが表示されます。このタブで定義するエントリは、プロジェクトで既知および未知のアミノ酸バリエーションを検出するために使用されます。

次の 2 通りの方法で AA バリエーションを入力することができます。

- 「ROI」タブで「Add Variant」をクリックし、「New AA Variant」ダイアログ ボックスでバリエーション属性を入力します。
- Microsoft Excel でバリエーションの表を作成し、この表をインポートします。Excel 表のカラムは、「AA Variants」タブのカラムに対応している必要があります。カラム名については、4-23 ページの図 4-3 を参照してください。

### 新規 AA バリエーションを入力するには

1. SeqScape Manager で、「Reference Data Group」タブをクリックします。
2. リストから RDG を選択し、「Properties」をクリックします。
3. 「AA Variants」タブを選択し、「New」をクリックします。

4. バリエントの種類（「Insertion」、「Deletion」、または「Base Change」）を選択します。

5. 変更するリファレンス シーケンス内の「Position (codon)」を入力します。シーケンスの位置を入力すると、「Reference」に値が表示されます。
6. バリエントを入力します。
7. 必要に応じて、色のスタイルを選択して説明を入力します。
8. 「OK」をクリックします。新規バリエントが「AA Variants」リストに表示されます。
9. 「OK」をクリックして新規バリエントを保存します。

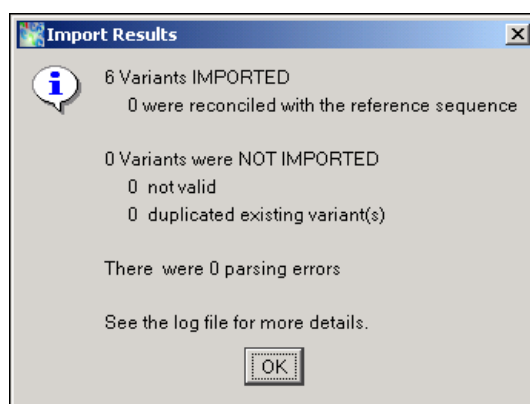
## AA バリエントの インポート

タブで区切られたファイルから AA バリエントをインポートするには

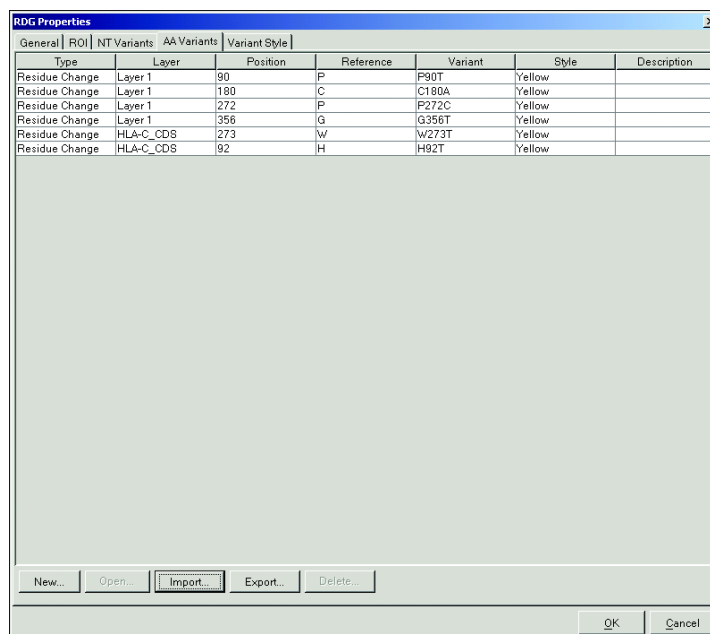
1. SeqScape Manager で「Reference Data Group」タブを選択し、作成した RDG を選択します。
2. 「Properties」をクリックし、「AA Variants」タブを選択します。
3. 「Import」をクリックし、バリエント データ ファイルを移動します。データ ファイルには、タブで区切られたテキスト ファイル（.txt ファイル）を使用できます。
4. 「Import」をクリックします。

5. ドロップダウン リストから任意のレイヤを選択し、「OK」をクリックします。

6. 「Import Results」ダイアログボックスで「OK」をクリックします。



アミノ酸バリエントがインポートされ、「AA Variants」タブのリストに表示されます。AA バリエントの例を次に示します。



## バリエントへのスタイルの割当て

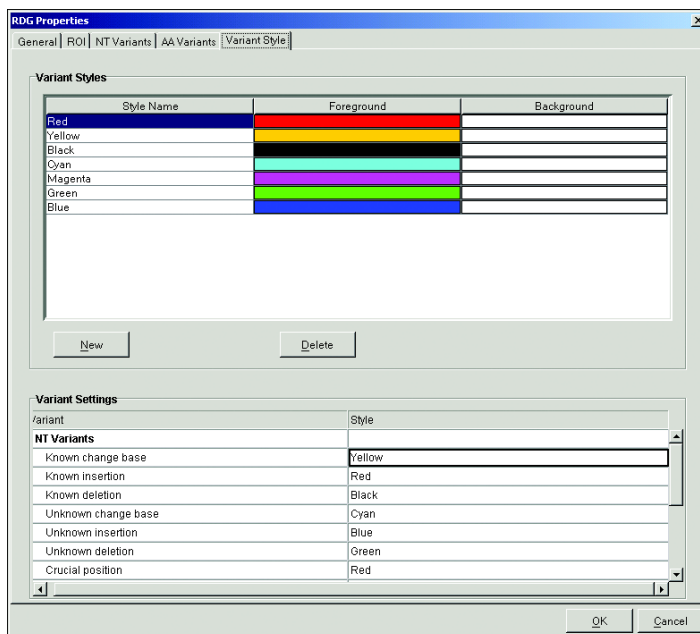
「Variant Styles」タブでは、Project ビューに表示される、様々な種類のバリエントを識別するテキストの色のスタイルを定義したり、バリエントの特性の表示を変更することができます。バリエントにスタイルを割り当てるには、「Variant Style」タブを使用します。

このダイアログ ボックスの上部の表には、遺伝子のスタイルが表示されます。また、このダイアログ ボックスの下部の表には、様々な種類のバリエントの状態と関連付けられたスタイルが表示されます。設定したスタイルは Project ビューに反映され、異なる種類のバリエントを識別することができます。

## バリエントにスタイルを割り当てるには

**重要！** テキストを見やすくするため、テキストに色を割り当てるときは、明るい背景色を選択してください。

1. 「RDG Properties」ダイアログ ボックスで、「Variant Style」タブを選択します。  
「Variant Styles」ペインには、バリエントに使用可能なデフォルトの色が表示されます。



2. 表示される既知のバリエントの塩基の変更、挿入、欠失に使用する色を選択します。
  - a. 新しい色とスタイルを追加するには、「New」をクリックします。
  - b. バリエントのスタイルに名前を付けるには、「Foreground Color」ボックスをクリックし、カラー パレットから新しい色を選択し、「OK」をクリックします。
  - c. カラー パレットから「Background Color」の色を選択し、ダイアログ ボックスで「OK」をクリックして、新しいバリエントのスタイルを設定します。

設定したバリエントのスタイルは Project ビューに反映され、異なる種類のバリエントを識別することができます。

3. 色を削除するには、色を選択し、「Delete」をクリックします。

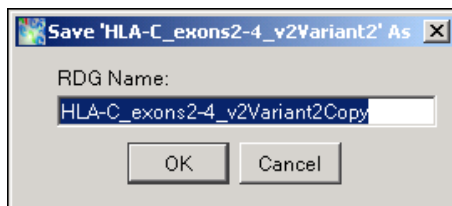
**注：**「Foreground」の最初の 7 色は変更または削除できません。

4. 「Variant Settings」ペインで、表示される未知のバリエントの塩基の変更、挿入、欠失に使用する色を選択します。「Variant Styles」領域には、使用可能なデフォルトの色のリストが表示されます。



## RDG のコピーの保存 RDG のコピーを保存するには

1. SeqScape Manager で、保存する RDG を選択します。
2. 「Save As」をクリックします。
3. 確認ウィンドウが開いたら、RDG の名前を変更するか「OK」をクリックします。

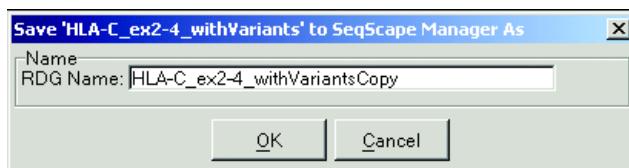


### RDG の保存による 他のプロジェクトでの 利用

プロジェクトまたは Project Template に組み込まれた RDG で作業する場合、この RDG のコピーを SeqScape Manager に保存することができます。こうすることで、RDG を編集し、この RDG を他のプロジェクトで再利用できるようになります。

### RDG を保存するには

1. プロジェクトを開き、「RDG Properties」ウィンドウで「Save To Manager As」をクリックします。
2. RDG の名前を入力して「OK」をクリックし、RDG のコピーを新しい名前で保存します。



デフォルトの名前を受け付けた場合、元の RDG のコピーがその名前で保存され、別のプロジェクトで使用できるようになります。

### 「Save To Manager As」 ボタン

「Analysis」メニューの「RDG Properties」、「Analysis Defaults」、および「Display Settings」によって表示される各ダイアログ ボックスのすべてのタブには、「Save To Manager As」ボタンがあります。プロジェクトのこれらの項目を保存しておく、保存された項目を使用してそのプロジェクトや作成されるその他のプロジェクト用に Project Template を変更することができます。

### 「Save To Manager As」ボタンを使用するには

1. プロジェクトを開き、「Analysis」メニューを選択し、「RDG Properties」、「Analysis Defaults」、または「Display Settings」を選択します。
2. これらのいずれかのダイアログ ボックスで任意のタブを選択し、「Save to Manager As」をクリックします。
3. 「Name」フィールドで、新しい名前を入力するかデフォルトの nameCopy という名前を受け付け、「OK」をクリックします。

保存されたコピーを別のプロジェクトにインポートできるようになります。



# Project Template の作成

---

この章では、次の項目について説明します。

|                            |     |
|----------------------------|-----|
| この章のワークフロー .....           | 5-2 |
| Project Template の作成 ..... | 5-3 |
| プロジェクトの構成項目の保存 .....       | 5-4 |

## この章のワークフロー

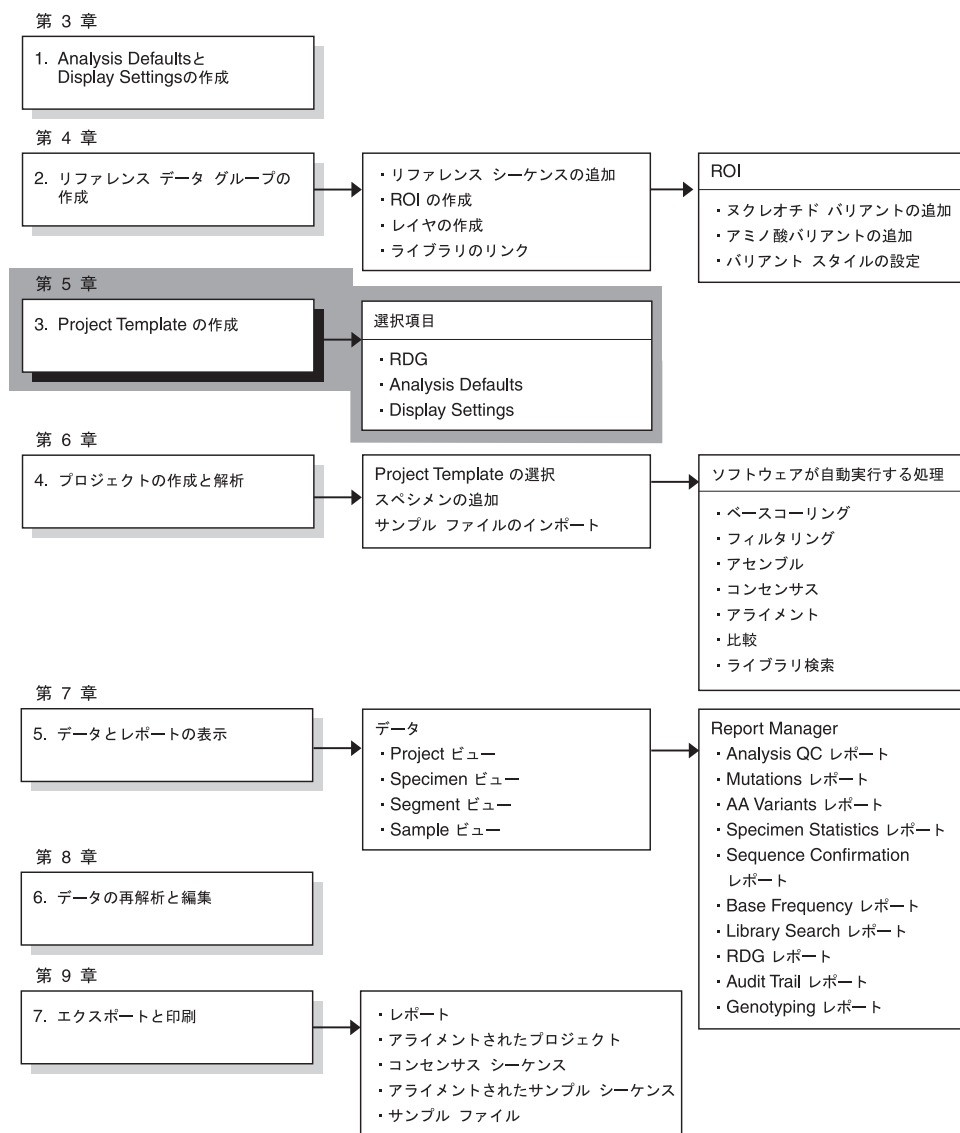


図 5-1 Project Template の作成手順の位置付け

# Project Template の作成

ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 を効果的に使用するには、Project Template を作成して設定する必要があります。Project Template は、データの自動解析に必要なすべてのリファレンス データと設定で構成され、ソフトウェアによるサンプルの解析および表示方法を定義します。SeqScape Manager で作成した Project Template は、インポート、エクスポート、および編集が可能です。

## 新規 Project Template の作成について

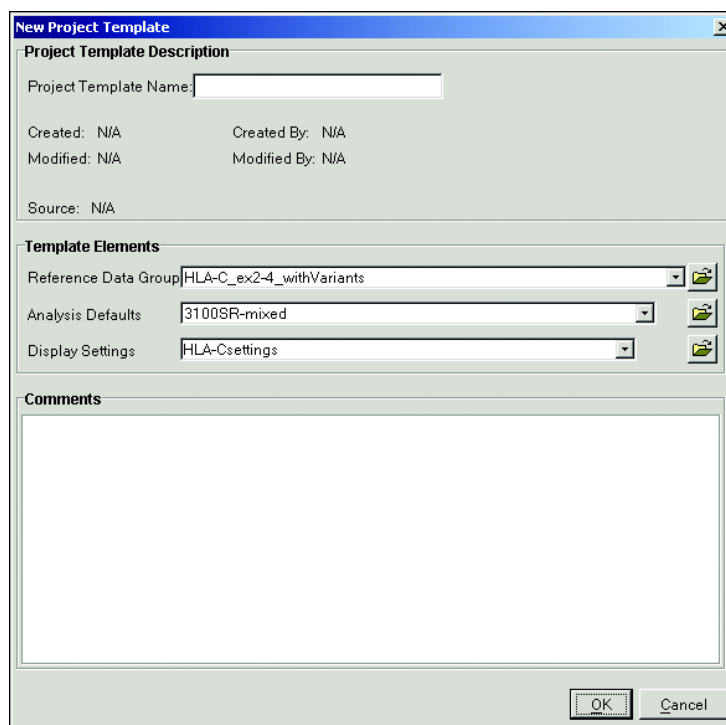
SeqScape Manager から新規 Project Template を作成するときに、次の情報を選択します。

- リファレンス データ グループ (RDG) - プロジェクトに含まれるすべてのスペシメンの比較対象となるリファレンス シーケンスと関連データ。詳細については、4-9 ページの「SeqScape Manager を使用した新規 RDG の作成」を参照してください。
- Analysis Defaults - データの解析に使用される設定。詳細については、3-9 ページの「Analysis Settings の指定」を参照してください。
- Display Settings - データの表示に使用される設定。詳細については、3-13 ページの「Display Settings の指定」を参照してください。

## 新規 Project Template の作成

新規 Project Template を作成するには

1. SeqScape のウィンドウで、「Tools」> 「SeqScape Manager」を選択します。
2. 「Project Templates」タブを選択し、「New」をクリックします。



3. 「Project Template Name」フィールドにプロジェクトの名前を入力します。

**注：**Project Template 名には、Windows ファイル システムに準拠している文字のみを使用してください。使用できない文字のリストについては、2-9 ページの「ファイル命名規則」を参照してください。

4. 「Template Elements」セクションで、各ドロップダウン リストから希望の項目を選択し、「OK」をクリックします。

## プロジェクトの構成項目の保存

### テンプレートの構成項目の保存について

プロジェクト内で修正した RDG、Analysis Settings、Display Settings は、そのプロジェクトでのみ有効です。ただし、これらの設定を他のプロジェクトに適用できるように保存しておくと、既存のテンプレートの構成項目に基づいて新規 SeqScape Manager テンプレートの構成項目を作成することができます。

### プロジェクト内でのテンプレートの構成項目の保存

Project Template の構成項目を保存するには

1. プロジェクト内で「Analysis」メニューを選択し、修正する次のいずれかのテンプレートの構成項目を選択します。
  - RDG Properties
  - Analysis Defaults
  - Display Settings
2. 構成項目を希望どおりに修正します。
3. 「Save To Manager As」をクリックします。

現在のテンプレートの構成項目名が付加された名前が「Save.xx to the SeqScape Manager As」ダイアログ ボックスに表示されます。
4. この名前をそのまま使用するか、変更します。

**重要！** 既存のテンプレートの構成項目を上書きすることはできません。テンプレートの新規の構成項目を保存するには、SeqScape Manager から既存のマスタ構成項目を削除する必要があります。
5. 「OK」をクリックします。
6. 修正した構成項目を他のプロジェクトで使用するには、新規の構成項目を使用した新規 Project Template を作成します。

### プロジェクト内での設定の変更例

#### 例 1

1. Project Template を作成し、プロジェクトに適用します。
2. 「Analysis」>「Analysis Settings」を選択し、サンプルの Analysis Settings を変更します。

SeqScape Manager では、基本となる Analysis Defaults は変更されません。

#### 例 2

1. Project Template を作成し、プロジェクトに適用します。
2. テンプレートの各構成項目を修正します。
3. RDG のバリエーション スタイルを変更し、「Save To Manager As」を選択します。

SeqScape Manager では、この変更が新規 RDG に反映されますが、SeqScape Manager の古い RDG には影響しません。すなわち、古い RDG を使用している Project Template も変更されません。

注：どちらの例でも、開いているプロジェクトには変更が反映されて表示されます。

# プロジェクトの作成と解析

---

この章では、次の項目について説明します。

|                                            |      |
|--------------------------------------------|------|
| この章のワークフロー .....                           | 6-2  |
| 新規プロジェクトの作成および解析 .....                     | 6-3  |
| New Project ウィザードを使用したプロジェクトの作成および解析 ..... | 6-4  |
| Project Template を使用した新規プロジェクトの作成と解析 ..... | 6-8  |
| プロジェクトへのスペシメンの追加とデータのインポート .....           | 6-9  |
| データの解析 .....                               | 6-16 |
| 別の Project Template を使用したプロジェクトの再解析 .....  | 6-17 |
| プロジェクト RDG へのバリエーションの統合 .....              | 6-19 |
| プロジェクト情報のインポートとエクスポート .....                | 6-26 |

## この章のワークフロー

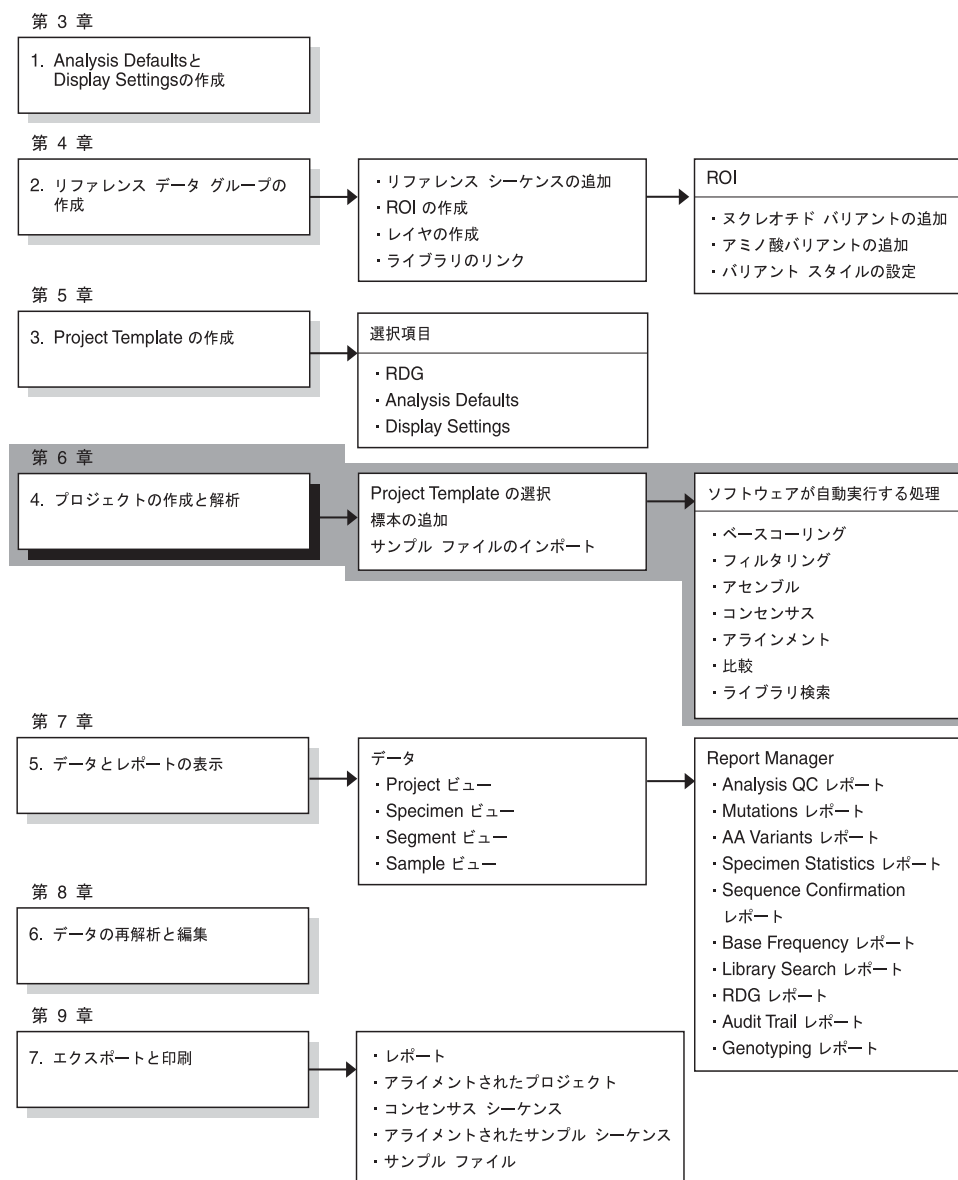


図 6-1 プロジェクトの作成および解析手順の位置付け

### プロジェクトの作成を開始する前に

ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 でプロジェクトを作成する前に、次の情報が含まれる Project Template を作成する必要があります。

- ・ リファレンス データ グループ (RDG)
- ・ Analysis Defaults
- ・ Display Settings



**解析で実行される処理** SeqScape ソフトウェアの解析では、次の処理が実行されます。

- Raw Data をベースコールする
- Quality Value を割り当て、ミックススペースを検出する
- クオリティの低いデータをふるい落とし、そのデータを以降の解析から除外する
- サンプルと各スペシメンをアセンブルし、コンセンサス シーケンスを作成する
- 各スペシメン コンセンサス シーケンスをリファレンス シーケンスに合わせてアライメントする
- アライメントされたコンセンサス シーケンスとリファレンス シーケンスを比較する
- 解析結果を表示する

## 新規プロジェクトの作成および解析

Analysis Defaults を設定したら、次の方法でデータ解析用の新規プロジェクトを作成することができます。

- New Project ウィザードを使用します（6-4 ページを参照してください）。
- 既存の Project Template を使用します（6-8 ページを参照してください）。

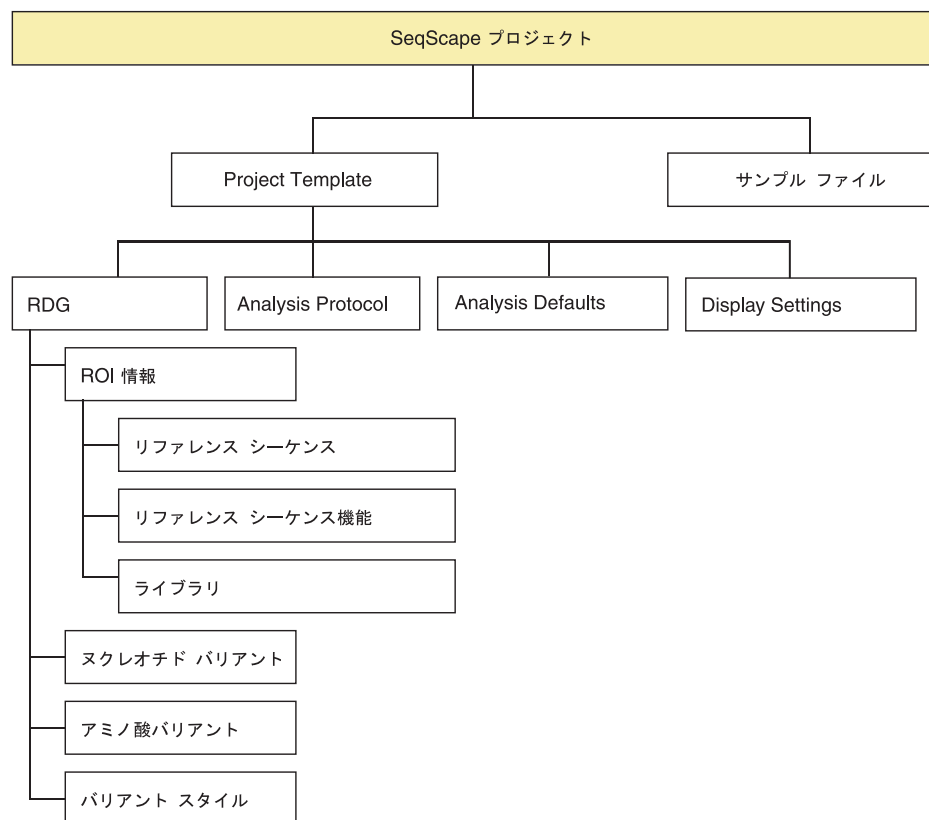


図 6-2 プロジェクトの構成項目

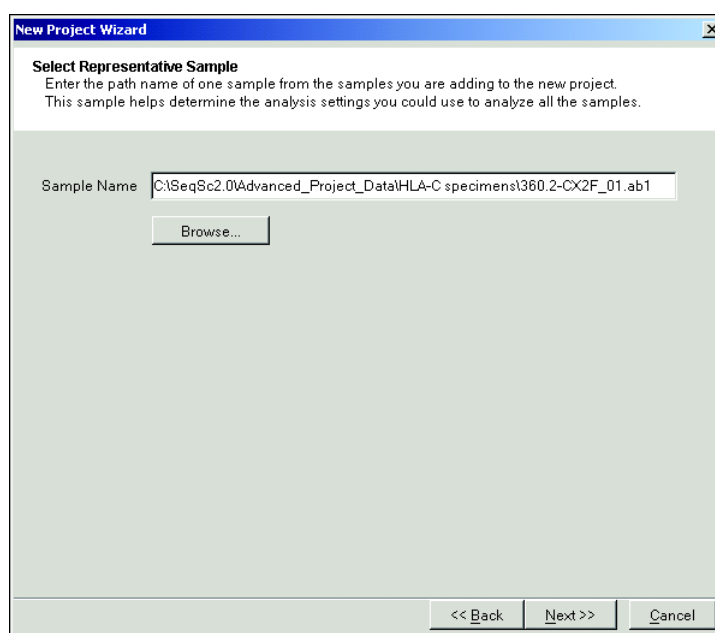
## New Project ウィザードを使用したプロジェクトの作成および解析

### New Project ウィザード

New Project ウィザードでは、新規プロジェクトの設定プロセスを指示に従いながら完了することができます。

New Project ウィザードを使用して新規プロジェクトを作成するには

1. SeqScape ソフトウェアを起動します。
2. 「File」 > 「New Project Wizard」を選択します。
3. 「Project Name」フィールドに新規プロジェクトの名前を入力し、「Next」をクリックします。
4. サンプル名を入力するか、「Browse」をクリックして使用するサンプルに移動します。



5. .ab1 拡張子のサンプルを選択し、「Open」をクリックします。

6. 「Next」をクリックします。ウィザードでは、選択したサンプルに基づいて Analysis Settings が使用されます。

**New Project Wizard**

**Verify Analysis Settings**  
Based on the representative sample, these are the recommended analysis settings, to use for this project.

**Basecalling**

Basecaller: Basecaller-3100APO4UR.bcp

DyeSet/Primer: DT3100POF6(BD)v2.mob

**Ending Base**

☐ At PCR Stop

☐ After 5 Ns in 10 Bases

☒ After 20 Ns

☐ After 800 Bases

Note: The Wizard uses default settings for Mixed Bases, Clear Range, and Filter.

<< Back   Next >>   Cancel

7. Analysis Settings (「Basecaller」、「DyeSet/Primer」ファイル、および「Ending Bases」)を確認し、「Next」をクリックします。
8. 「Select Reference Data Group」ページで次の操作を実行します。

**New Project Wizard**

**Select Reference Data Group**  
Select the Reference Data Group you want to use for the new project.

☐ Use a GenBank file containing Reference Data Group data.

File Name: C:\SeqSc2.0\gb   Browse...

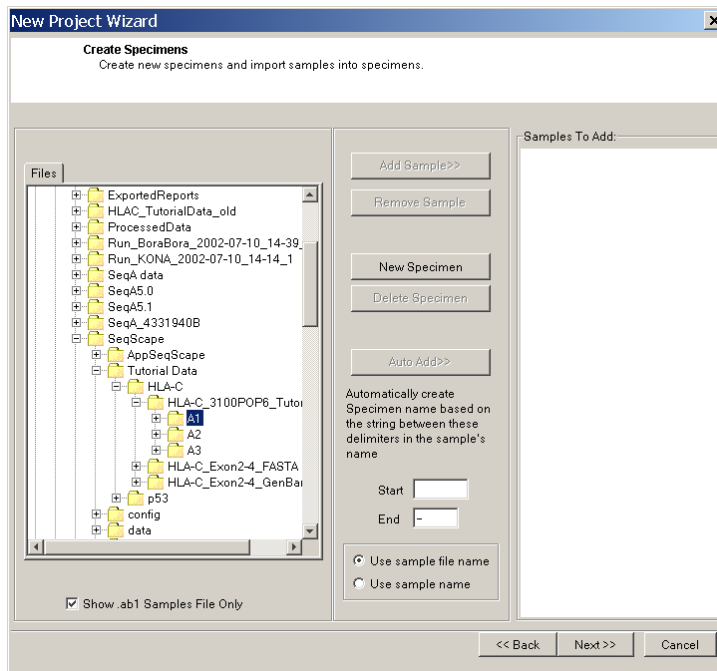
☒ Use an existing Reference Data Group.

| RDG Name            | Created               | Created By | Modified              | Modified By            |
|---------------------|-----------------------|------------|-----------------------|------------------------|
| HLA-C_ex2-4_with... | 05/12/02 at 4:14:2... | N/A        | 06/28/02 at 2:28:3... | guest: Application ... |
| HLA-C_ex2-4_with... | 12/01/97 at 2:59:4... | N/A        | 12/01/97 at 2:59:4... | guest: Application ... |
| HXB2PrRT            | 09/22/00 at 11:59:... | N/A        | 11/30/97 at 6:48:3... | guest: Application ... |
| HXB2PrRT_v1.1       | 09/22/00 at 11:59:... | N/A        | 11/30/97 at 6:48:3... | guest: Application ... |

<< Back   Next >>   Cancel   Help

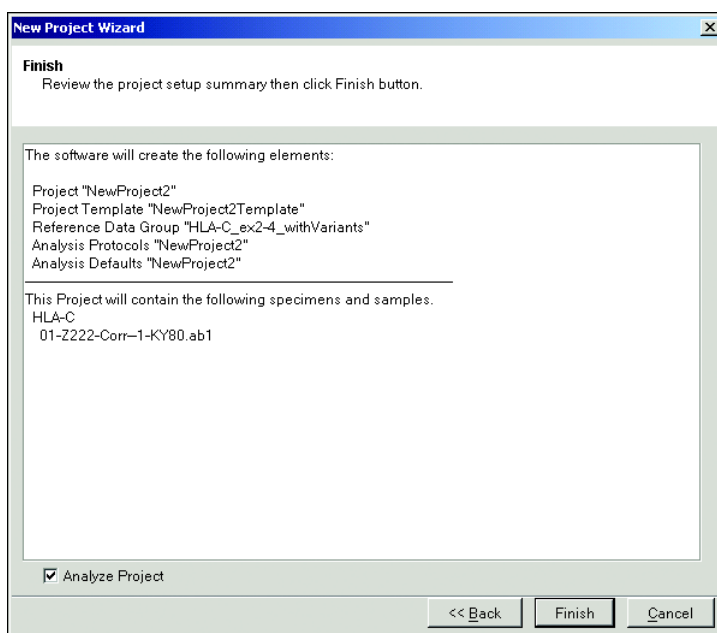
- a. 次のいずれかを実行します。
- 「Use a GenBank file containing Reference Data Group data」を選択し、GenBank ファイルを指定します。または、
  - 「Use an existing Reference Data Group」を選択し、リストからリファレンス データ グループ ファイルを選択します。
- b. 「Next」をクリックします。

9. 「Create Specimens」ページで次の操作を実行し、スペシメンを追加してサンプルをインポートします。



- 「Files」セクションで、単一のサンプル、複数のサンプル、またはフォルダを選択し、「Auto Add」をクリックします。
- 「Next」をクリックします。

注：スペシメンの追加の詳細については、6-9 ページの「プロジェクトへのスペシメンの追加とデータのインポート」を参照してください。



Project ウィザードを初めて使用したときに、Master Display Settings が作成されます。ウィザードを再度使用するときには、これと同じ設定が使用されます。

10. 設定を確認します。設定を変更するには、「Back」をクリックします。

11. 次のいずれかを実行します。

| 解析のタイミング | 手順                                                                                  |
|----------|-------------------------------------------------------------------------------------|
| 今すぐ      | 「 <b>Finish</b> 」をクリックします。                                                          |
| 後で       | 1. このページの左下にある「 <b>Analyze Project</b> 」の選択を解除します。<br>2. 「 <b>Finish</b> 」をクリックします。 |

12. 新規プロジェクトを閉じるときに、「**Yes**」をクリックして保存します。

このプロジェクトを、SeqScape Manager の使用可能なプロジェクトのリストから使用できるようになります。

# Project Template を使用した新規プロジェクトの作成と解析

既存の Project Template を使用して新規プロジェクトを作成することができます。Project Template には、次の情報が含まれます。

- リファレンス データ グループ (RDG)
- Analysis Defaults
- Display Settings

## Project Template について

このソフトウェアには、ユーザが利用できる Project Template のサンプルが 1 つ用意されています。独自の Project Template を作成するには、5-3 ページの「Project Template の作成」を参照してください。

表 6-1 SeqScape ソフトウェアに含まれる Project Template のコンポーネント

| テンプレートの構成項目        | ファイル名                                                                                                    |
|--------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Project Template 名 | <ul style="list-style-type: none"><li>HLA-3100_POP6mixed_v2</li><li>p53_exon7-v2</li></ul>               |
| リファレンス データ グループ    | <ul style="list-style-type: none"><li>HLA-C_exons2-4_noNT_v2</li><li>p53_Exon7_v2</li></ul>              |
| Analysis Defaults  | <ul style="list-style-type: none"><li>3100-SR_POP6_BDTv1_mixed_v2</li><li>3700LR_POP5_BDTv1_v2</li></ul> |
| Display Settings   | <ul style="list-style-type: none"><li>DefaultDisplaySettings_v2</li></ul>                                |

## テンプレートを使用した新規プロジェクトの作成

Project Template を使用して新規プロジェクトを作成するには

- 「File」>「New Project」を選択します。
- 「New Project」ウィンドウが開いたら、リストからテンプレートを選択し、プロジェクト名を入力します。

注：リスト内のテンプレート名全体を表示するには、両向き矢印のカーソルがカラムバー上で表示された状態で「Project Template」ヘッダをクリックして右にドラッグしてください。

- 「New」をクリックします。  
選択したテンプレートを使用した新規プロジェクトが開きます。

# プロジェクトへのスペシメンの追加とデータのインポート

**概要** 単一の生物学的ソースから抽出したすべてのサンプル データは、プロジェクト内の 1 つのスペシメンに入れる必要があります。1 つのスペシメンに含まれるすべてのサンプル データがアセンブルされ、コンセンサス シーケンスが作成されます。各スペシメンは、たとえば 1 つの PCR プロダクトからアセンブルされたサンプルの入れ物として考えることができます。作成されるコンセンサスはリファレンスと比較され、他のスペシメンのその他のコンセンサス シーケンスに合わせてアライメントされます。

新規の未解析データがある場合、プロジェクトでそのデータを格納するためのスペシメンを作成する必要があります。プロジェクトへのスペシメンの追加は、自動または手動で行うことができます。

プロジェクトにインポート可能なデータの種類に関する詳細については、6-11 ページの「スペシメンの追加と サンプルのインポートの手動実行」を参照してください。

**重要！** 未解析のスペシメンおよびサンプル データのアイコンには、解析が必要なことを示す赤の斜線が表示されます。

**重要！** スペシメン名は、インポート後にのみ編集できます。サンプル名は、SeqScape ソフトウェアで編集することはできません。

## スペシメンの追加と サンプルのインポート の自動実行

SeqScape ソフトウェアは、テキスト デリミッタを使用して、自動的にスペシメンの作成と未解析または解析済みサンプルのプロジェクトへのインポートを同時に実行します。

### サンプル ID とサンプル ファイル名

この機能を利用するには、各スペシメンに含まれるすべてのサンプルについて、サンプル ID (Data Collection ソフトウェアによって作成され、各サンプル ファイルに格納されます) に同じ接頭辞が付いている必要があります。

**重要！** サンプル ID (サンプル名) は、Data Collection ソフトウェアでサンプルに割り当てる名前です。サンプル名は修正できません。

サンプル ファイル名はサンプル ID より長く、通常はサンプル ID から付けられます。サンプル ファイル名は、サンプルを検索するときに表示される名前です。サンプル ファイル名は修正できます。

テキスト デリミッタはサンプル ID から選択されます。この機能を使用すると、同じフォルダにグループ化され、同様のデリミッタを共有する一連のサンプル ファイルを、1 つの手順で対応するスペシメンにインポートすることができます。

図 6-3 に示すサンプルでは、デリミッタとしてダッシュが使用されています。デリミッタの左側にある情報からスペシメン名が判断されます。「Add Automatically」を選択すると、サンプル ファイルは、自動的に作成されて名前が付けられたスペシメンに自動的に転送されます。この例では、最初のスペシメンに A1 で始まるすべてのファイルが含まれています。

図 6-3 に示すように、サンプル ID は、サンプルの Annotation ビューにも表示されます。

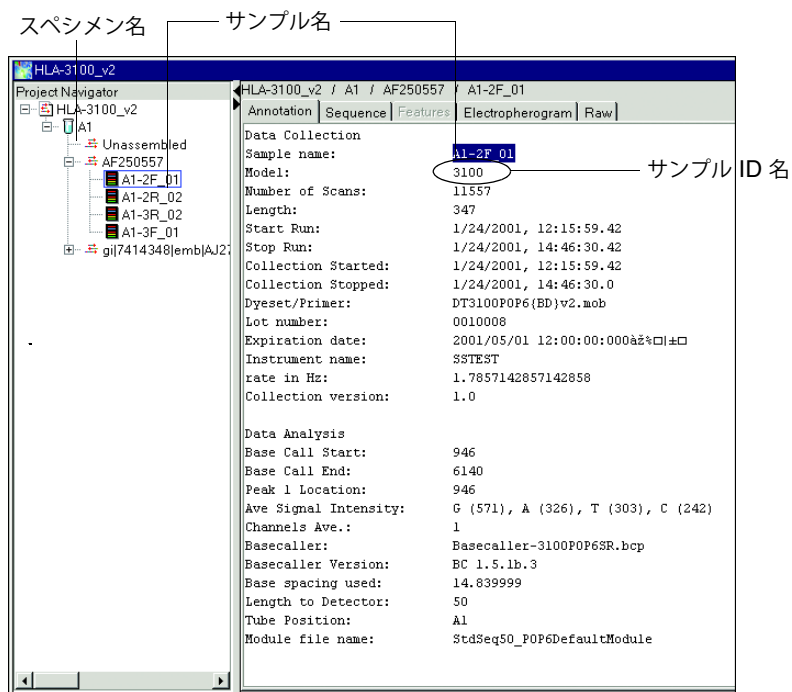


図 6-3 「Annotation」タブ

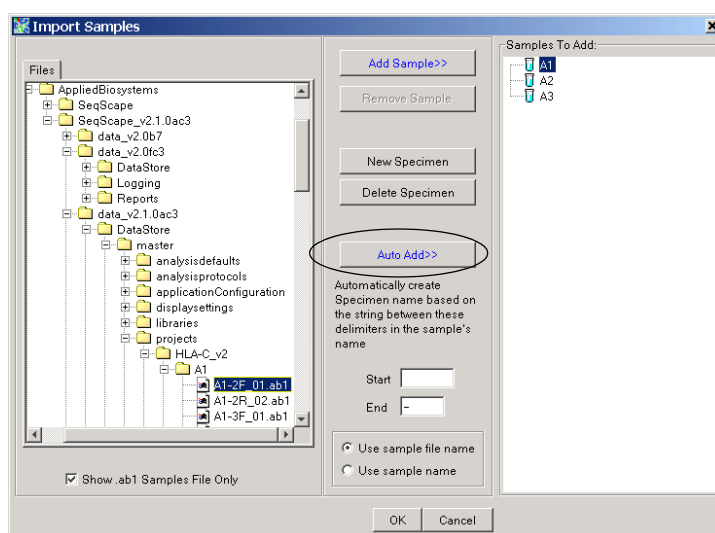
自動的にスペシメンを作成してサンプルをインポートするには

1. 「Project」ウィンドウを開き、「File」>「Import Samples To Project」を選択するか  をクリックします。
2. 「Specimen name delimiter」フィールドにデリミッタを入力します。

注：デリミッタは、Data Collection ソフトウェアのサンプルシートまたはプレートレコード内のサンプル名 ID から導き出されます。手順 3 の図では、デリミッタとしてダッシュが使用されています。Data Collection ソフトウェアから抽出されたサンプル ID 名は、サンプルの Annotation ビューの「Sample name」セクションに表示されます。

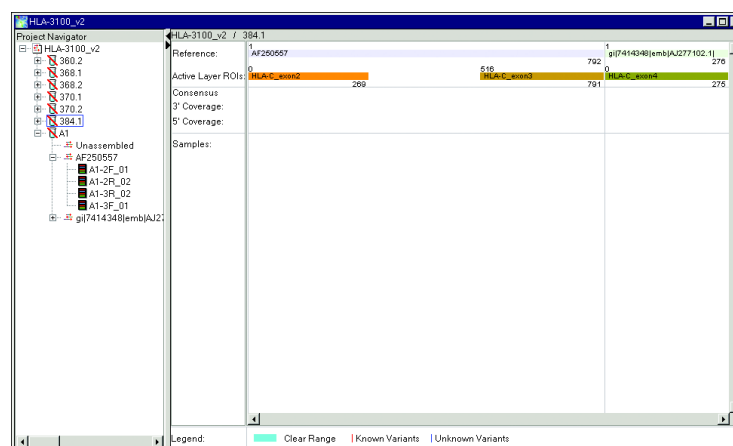


3. インポートするサンプルが含まれるフォルダを選択し、「Auto Add」をクリックします。



テキスト デリミッタに基づいて、サンプルが適切なスペシメン（この例では、HLA-C スペシメンの下に示されたスペシメン）に自動的にインポートされます。

4. 「OK」をクリックし、スペシメンとサンプルをプロジェクトにインポートします。



## スペシメンの追加と サンプルのインポート の手動実行

プロジェクト内のスペシメンにインポートできるサンプル データの種類は、次のとおりです。

- ABI PRISM の装置のサンプル データ ファイル
- データベース ファイル
- テキストのみのスペシメンファイル

表 6-2 サンプル データの種類

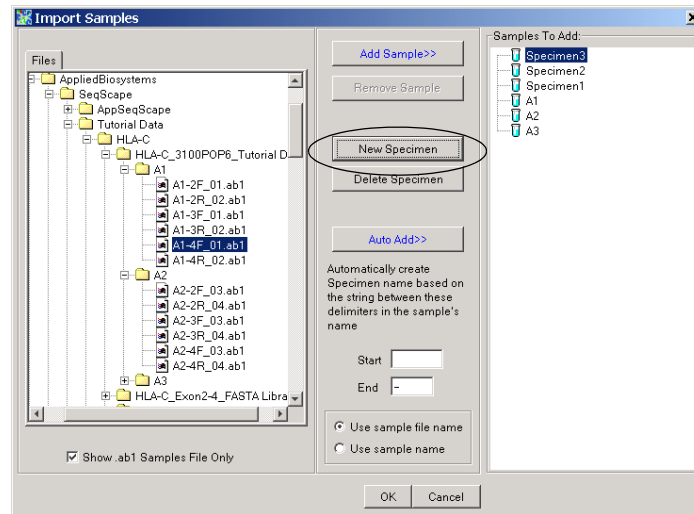
| インポートするサンプル          | 参照先                                 |
|----------------------|-------------------------------------|
| サンプル データ ファイル        | 6-12 ページの「スペシメンの追加とデータ ファイルの インポート」 |
| テキストのみのスペシメン<br>ファイル | 6-15 ページの「テキストのみの ファイルのインポート」       |

## スペシメンの追加と データ ファイルの インポート

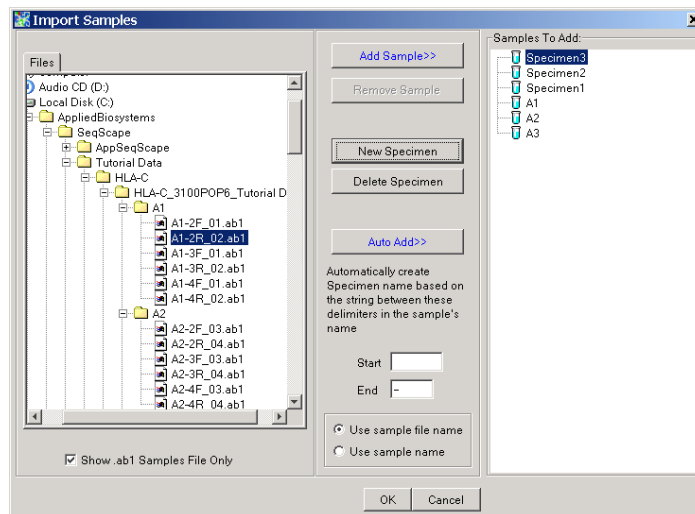
未解析または解析済みのサンプル データをインポートするには、ファイルは ABI 形式である必要があります。サンプル データは、プロジェクト内のスペシメンにインポートされます。新規のスペシメンは、「Import Samples」ダイアログ ボックスで作成します。

スペシメンを追加してサンプル データ ファイルをインポートするには

1. 「Project」 ウィンドウを開き、「File」 > 「Import Samples To Project」を選択するか  をクリックして、「Import Samples」ダイアログボックスを開きます。
2. 次の手順で新規のスペシメンを作成します。
  - a. 「New Specimen」をクリックします。
  - b. さらに 2 つのスペシメンを追加します。

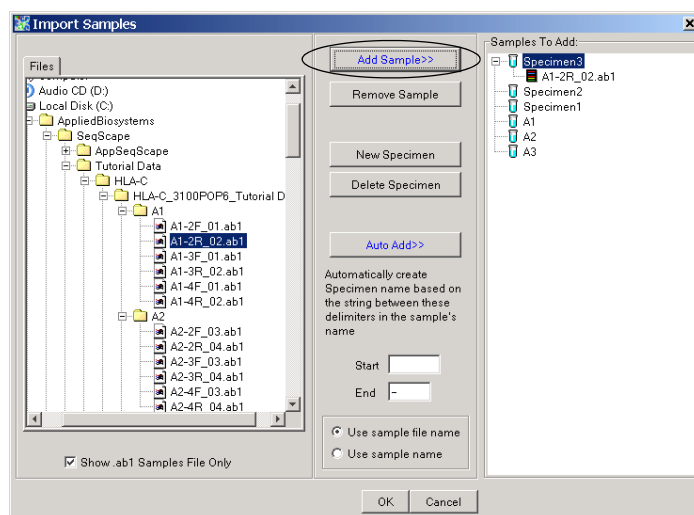


3. 右側の「Samples To Add」セクションで、データのインポート先のスペシメンを選択します。
4. 「Files」ペインで、追加するサンプルへ移動します。
5. 「Samples to Add」ペインで最初のスペシメンを選択します。



6. 「Files」セクションで、サンプル データ ファイルを選択します。

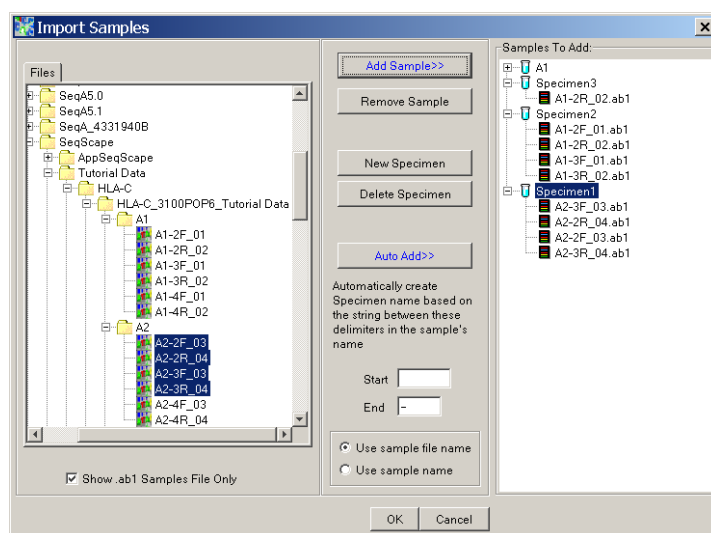
| インポートするサンプル    | 手順                                                   |
|----------------|------------------------------------------------------|
| 単一のサンプル        | 単一のサンプルを選択します。                                       |
| 複数のサンプル        | <b>[Ctrl] + クリック</b> で、連続したサンプルまたは連続していないサンプルを選択します。 |
| フォルダ内のすべてのサンプル | フォルダを選択します。                                          |



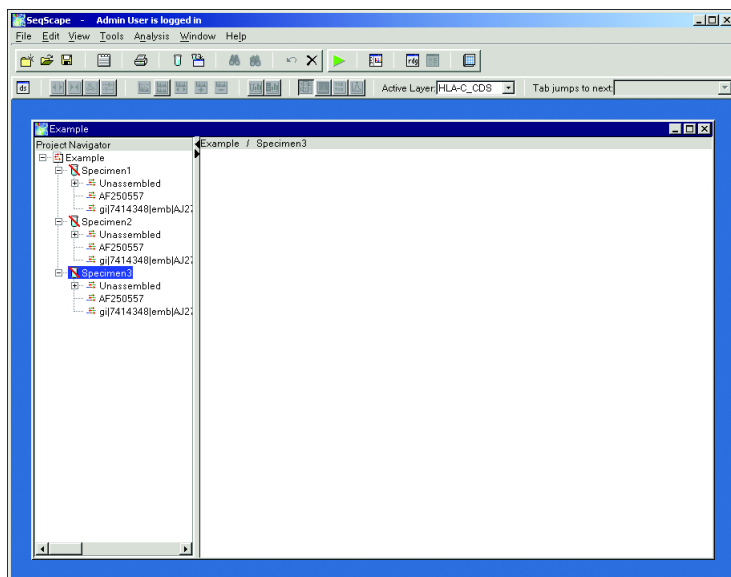
7. 「Add Sample」をクリックします。

サンプル データが選択したスペシメン内に表示され、データのインポート先が示されます。実際には、「OK」をクリックするまでデータはプロジェクトにインポートされません。

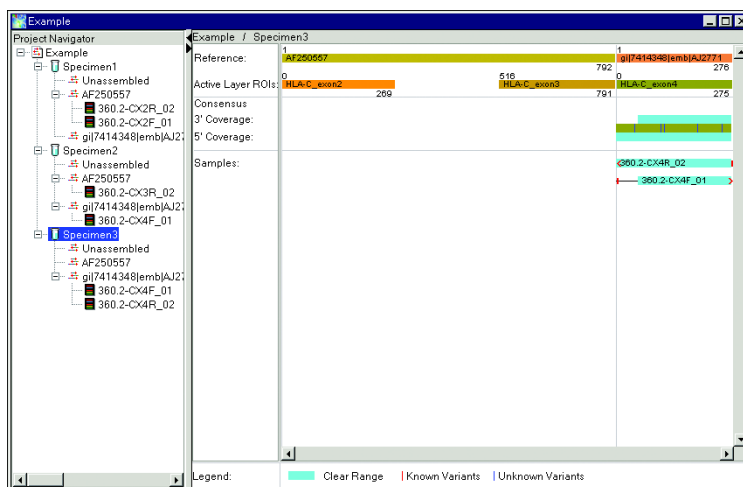
8. 2 番目のスペシメンを選択してサンプルを選択し、「Add Sample」をクリックします。3 番目のスペシメンについてもこの手順を繰り返します。



9. 「OK」をクリックしてインポートを実行し、「Project」ウィンドウに戻ります。プロジェクトに新規のスペシメンとサンプルが反映され、これらのスペシメンには赤の斜線が表示されます。これは、サンプルが未解析でアセンブルされていないことを示します。



10. 必要に応じて、各スペシメンを選択してそのスペシメンの新しい名前を入力し、[Enter] キーを押します。
11. ツールバーの緑の矢印ボタン  は、サンプルの解析が必要なことを示します。このボタンをクリックします。サンプルの解析が完了すると、次の図のように、スペシメンに表示されていた赤の斜線が消え、サンプルが組み立てられます。



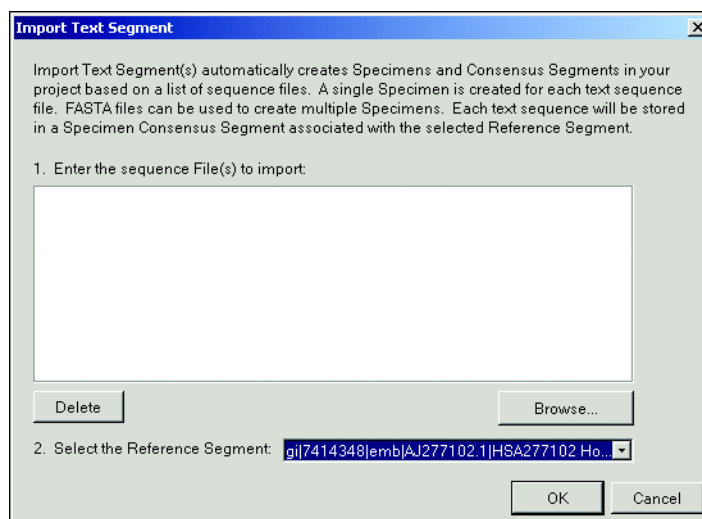
12. プロジェクトを閉じ、保存します。

## テキストのみの ファイルのインポート

テキスト形式のコンセンサス シーケンスをテキストのみのスペシメンとしてプロジェクトにインポートすることができます。

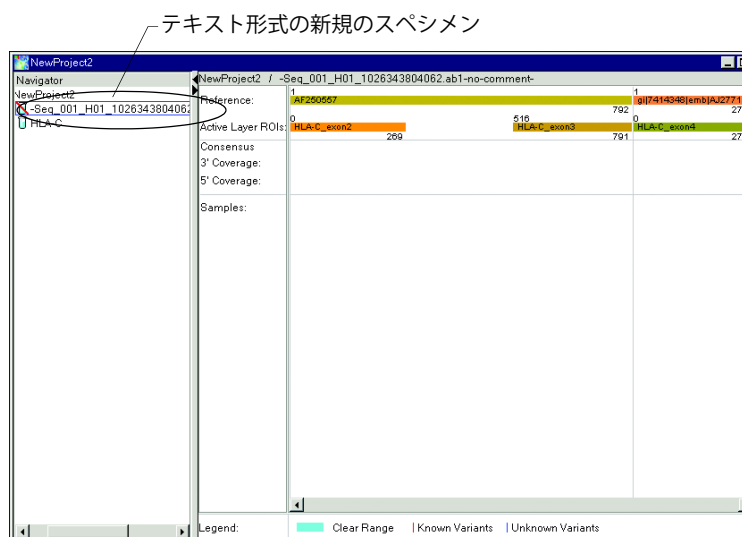
テキストまたは組立て済みのシーケンスをインポートするには

1. Project Navigator で、プロジェクト名を選択し、「File」>「Import Text Segment」を選択します。



2. 「Browse」をクリックし、対象のセグメントへ移動します。
3. 「Import Text-Only Segment」ダイアログ ボックスで、テキスト ファイル (.fasta 形式) を選択し、「Import」をクリックします。セグメントが、「Import Text Segment」ダイアログ ボックスの未入力だったセクションに表示されます。
4. 手順 2 および 3 を繰り返し、さらにテキスト セグメントを追加します。
5. 「OK」をクリックします。

新規のスペシメンが作成され、ファイルの最初の行に指定された名前が付けられます。



### サンプルまたは スペシメンの削除

プロジェクトからサンプルまたはスペシメンを削除するには

1. プロジェクトの Project Navigator で、プロジェクトから削除するサンプルまたはスペシメンを選択します。
2. [Delete] キーを押します

**重要！** これにより結果が削除されます。この操作は元に戻すことはできません。誤って [Delete] キーを押してしまった場合、保存せずにプロジェクトを閉じ、結果を復元してください。

3. 「Confirm Delete」ダイアログ ボックスで「Yes」をクリックします。

## データの解析

すべてのデータをインポートしたら、解析を実行することができます。新規データをインポートするかサンプルの Analysis Settings を変更すると、ツールバーの「Analyze」アイコンが緑になります。これは、未解析のデータが存在することを示します。

### 解析の実行

プロジェクトで解析を実行するには、（「Analyze」）をクリックするか、「Analysis」>「Analyze」を選択します。

## 別の Project Template を使用したプロジェクトの再解析

**この操作が必要な場合** 多数のサンプルが含まれるプロジェクト全体を解析した後に、設定やリファレンス データが異なる Project Template を使用してすべてのデータを再解析したい場合があります。

**再解析前のプロジェクトの保存** **重要！** 新規の Project Template を適用すると、ベースコール、機能、アライメント、マニュアル編集を含むすべての解析済みデータが破棄されます。データが破棄されないようにするには、必要に応じてプロジェクトの名前を変更して元の解析を残してください。

再解析するプロジェクトを保存するには

1. 「Tools」 > 「SeqScape Manager」を選択します。
2. 「Project」リストで、再解析前に保存するプロジェクトを選択します。
3. 「Save As」をクリックし、プロジェクトの名前を変更します。
4. 「OK」をクリックします。

プロジェクトが新しい名前で保存され、元のプロジェクトがリストに残されます。

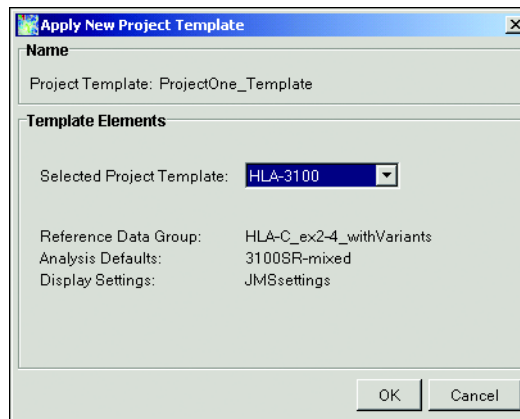
**既存プロジェクトへの  
テンプレートの適用**

別のテンプレートを使用してプロジェクトを再解析するには

1. 設定やリファレンス シーケンスを希望どおり変更したテンプレートを作成します（6-8 ページの「テンプレートを使用した新規プロジェクトの作成」を参照してください）。
2. 古い設定で解析したデータが含まれる既存のプロジェクトを開きます。

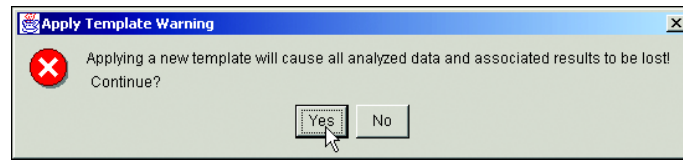
**重要！** 現在のプロジェクト データを残して新規のプロジェクト データと比較する場合は、プロジェクトを新しい名前で保存してください。プロジェクトを保存しないと、新規の Project Template を適用したときに、すべてのデータが上書きされます。

3. 「Analysis」 > 「Apply Project Template」を選択し、「Apply New Project Template」ダイアログ ボックスを開きます。



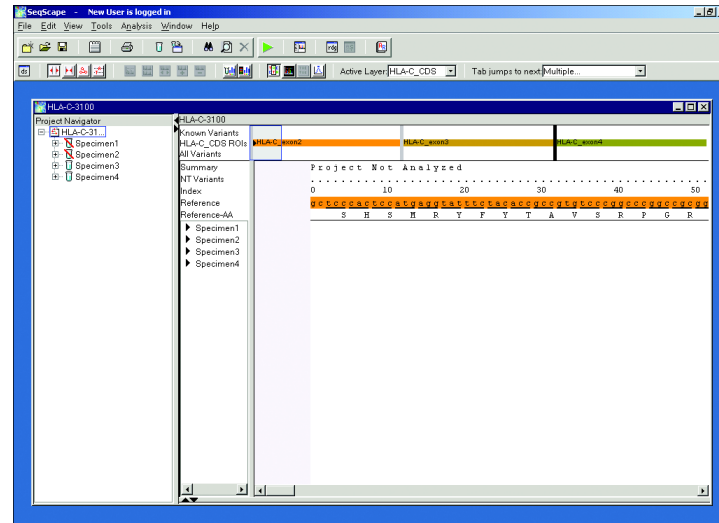
4. 「Selected Project Template」ドロップダウン リストで、プロジェクトに適用する Project Template を選択します。
5. 「OK」をクリックします。

6. 解析済みデータと結果がすべて破棄されることを警告するダイアログ ボックスが開きます。続行するには「Yes」をクリックします。



すべてのスペシメンとサンプルが含まれ、データが未解析のプロジェクトが開きます。

7. データを新規のテンプレートで解析するには、「Analysis」>「Analyze」を選択します。





## プロジェクト RDG へのバリエーションの統合

### バリエーション シーケンス の統合について

次のいずれかの方法で、バリエーションをアクティブなプロジェクト RDG に統合することができます。

- スペシメンに含まれる未知のバリエーションを既知のバリエーションに変更します。
- バリエーションを追加します。
- バリエーション シーケンスが含まれるファイルをインポートします。
- 一連のバリエーションを TXT ファイルからインポートします。

**注：** マスタ RDG があり、この RDG に追加のバリエーションを含める場合、SeqScape Manager を使用してこれらのバリエーションを統合する必要があります。

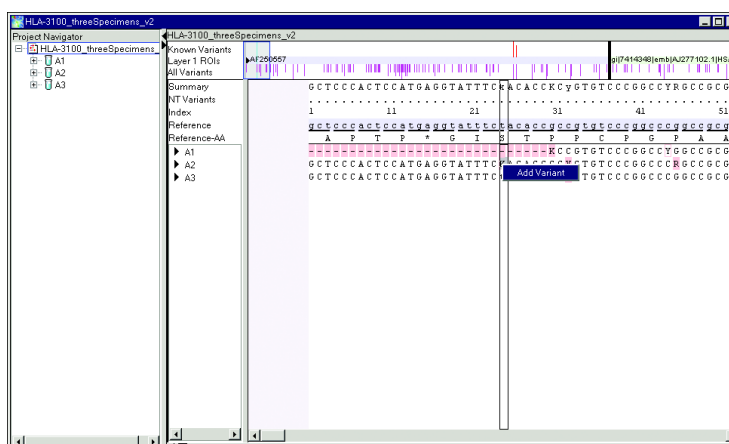
バリエーションの位置と説明が記述された、タブで区切られたテキスト ファイルをインポートすると、バリエーションを自動的に統合することができます。この手法により、バリエーションが作成され、ファイルに含まれるすべてのバリエーションにスタイルが適用されます。

または、スペシメンに含まれる未知のバリエーションを既知のバリエーションに変更するか、リファレンス データ グループに追加してバリエーションを作成することができます。

### 単一の未知の バリエーションを既知の バリエーションに変更する

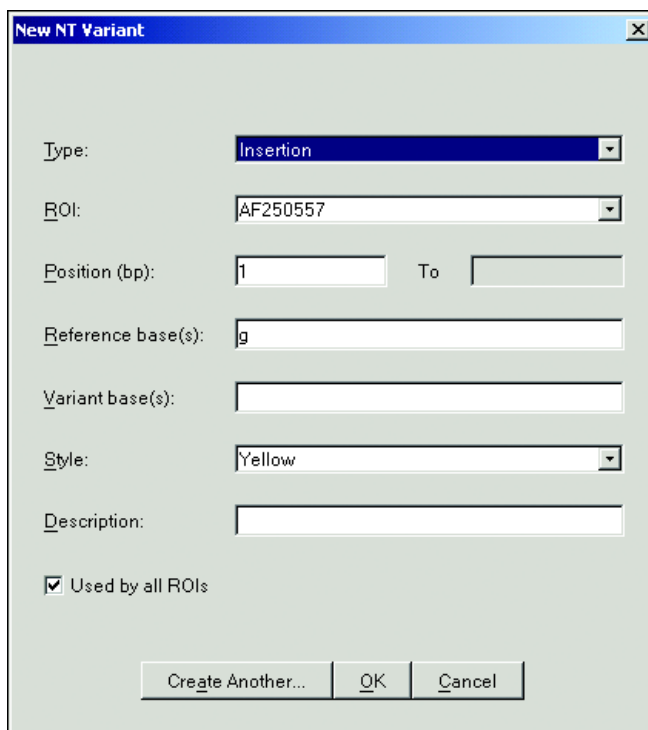
未知のバリエーションを既知のバリエーションに変更するには

1. スペシメンに含まれるバリエーション塩基を選択し、右クリックします。



2. ショートカットメニューから「Add Variant」を選択し、「New NT Variant」ダイアログボックスを開きます。

バリエントの種類と位置に関する情報が「New NT Variant」ダイアログボックスに表示されます。



The 'New NT Variant' dialog box contains the following fields and controls:

- Type:** A dropdown menu with 'Insertion' selected.
- ROI:** A dropdown menu with 'AF250557' selected.
- Position (bp):** Two text input fields labeled 'From' and 'To'. The 'From' field contains '1'.
- Reference base(s):** A text input field containing 'g'.
- Variant base(s):** An empty text input field.
- Style:** A dropdown menu with 'Yellow' selected.
- Description:** An empty text input field.
- Used by all ROIs:** A checked checkbox.
- Buttons:** 'Create Another...', 'OK', and 'Cancel' at the bottom.

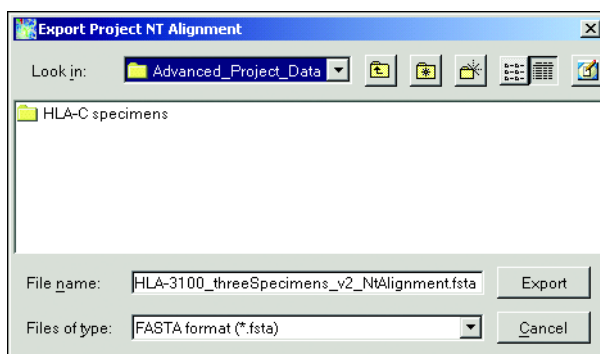
3. 「Style」ドロップダウン リストからバリエントのスタイルを選択します。
4. 必要に応じて「Description」フィールドにテキスト入力し、「OK」をクリックします。
5. 別のバリエントについて手順 1 ～ 4 を繰り返します。

### 複数の未知のバリエントの変更

複数の未知のバリエントを既知のバリエントに変更するには、プロジェクト アライメント ファイル内の未知のバリエントをエクスポートし、さらにプロジェクトにインポートする必要があります。

#### 複数の未知のバリエントを既知のバリエントに変更するには

1. プロジェクトを開き、未知のバリエントが含まれるスペシメンを選択します。
2. 「File」>「Export」>「Project Alignment-Nucleotides」を選択します。



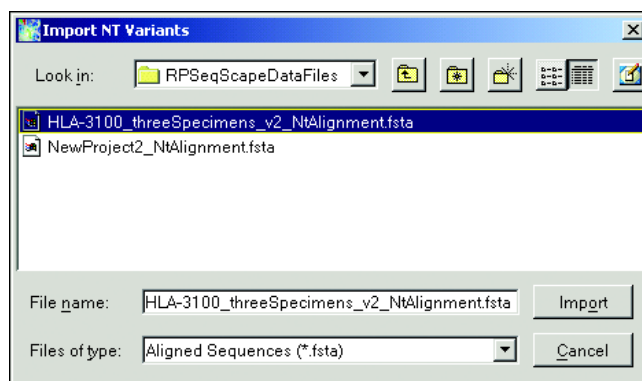
The 'Export Project NT Alignment' dialog box contains the following fields and controls:

- Look in:** A dropdown menu with 'Advanced\_Project\_Data' selected.
- File list:** A list box showing 'HLA-C specimens'.
- File name:** A text input field containing 'HLA-3100\_threeSpecimens\_v2\_NtAlignment.fasta'.
- Files of type:** A dropdown menu with 'FASTA format (\*.fasta)' selected.
- Buttons:** 'Export' and 'Cancel' at the bottom right.

3. 「Export Project NT Alignment」ダイアログ ボックスで、データのエクスポート先を選択し、「Export」をクリックします。

## バリエانتのインポート バリエانتをインポートするには

1. 「Analysis」 > 「RDG Properties」を選択します。
2. 「NT Variants」タブを選択します。
3. 「Import」を選択します。
4. 「Import NT Variants」ダイアログ ボックスで、プロジェクト アライメント ファイルへ移動して選択します。「Files of type」が「All Files」または「Aligned Sequences」に設定されていることを確認します。



5. インポートするファイルへ移動するか選択します。
6. 「Import」をクリックします。
7. 「Select Reference Segment」ダイアログ ボックスでドロップダウン リストからリファレンス セグメントを選択し、「OK」をクリックします。  
バリエانتが NT Variants 表に既知のバリエانتとして表示されます。説明はバリエانتが存在するスペシメン、スタイルはそのバリエانتの種類のデフォルト スタイルです。
8. 「RDG Properties」ダイアログ ボックスで「Variant Style」タブを選択し、RDG のデフォルト スタイルを変更し、インポートしたバリエانتの説明を入力します。
9. 「NT Variants」タブを選択し、バリエانتが「Known」になっていることを確認します。
10. 「OK」をクリックしてバリエانتを保存します。

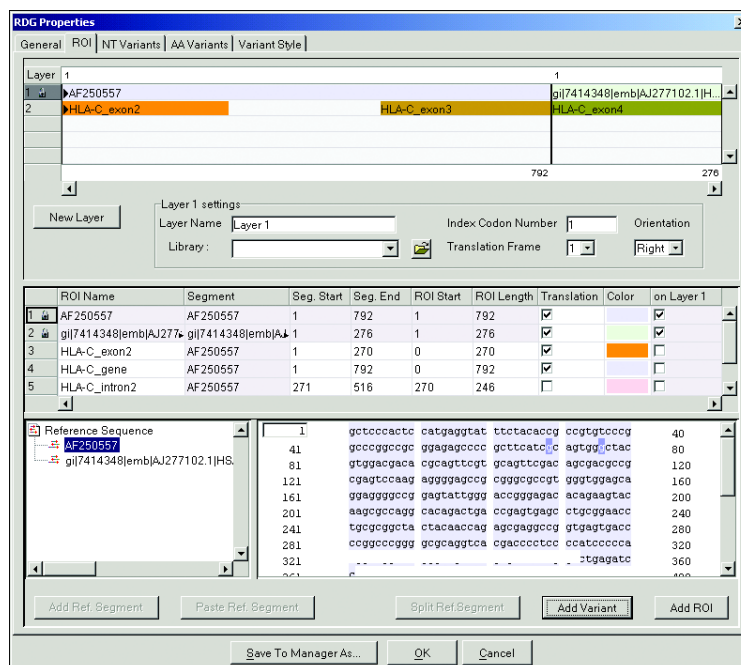
## プロジェクトでの新規バリエانتの作成

次の方法でバリエانتをプロジェクトに追加することができます。

- 「RDG Properties」ダイアログ ボックスの「Variants」タブで、バリエانتの種類と位置を入力します。
- 「RDG Properties」ダイアログ ボックスの「Sequence」タブで、リファレンス シーケンス上の位置を選択します。バリエانتに関する適切な情報が自動的に「Variant」ダイアログ ボックスに入力されます。

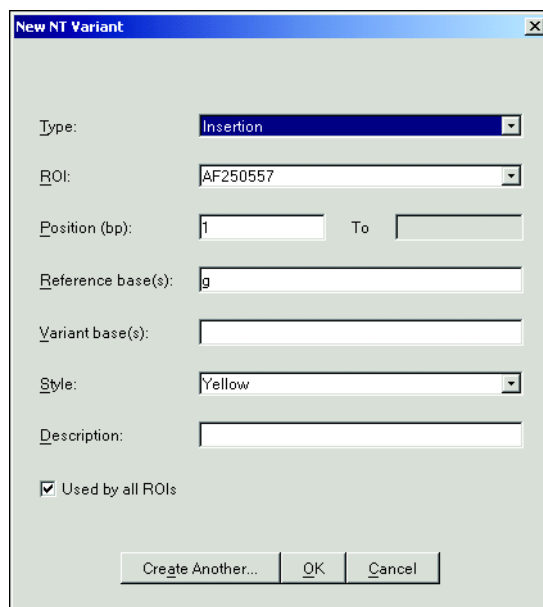
## プロジェクトで新規バリエントを作成するには

1. 「Project」ウィンドウから「Analysis」>「RDG Properties」を選択し、「RDG Properties」ダイアログボックスを開きます。
2. 「ROI」タブをクリックし、「Add Variant」を選択します。



3. 「New NT Variant」ダイアログボックスで、バリエントの種類（「Base Change」、  
「Insertion」、または「Deletion」）を選択します。
4. 「Position」を選択し、「To」（位置）または「Variant base」のいずれかを選択します。

注：「Reference base」には、位置に基づいて自動的に入力されます。

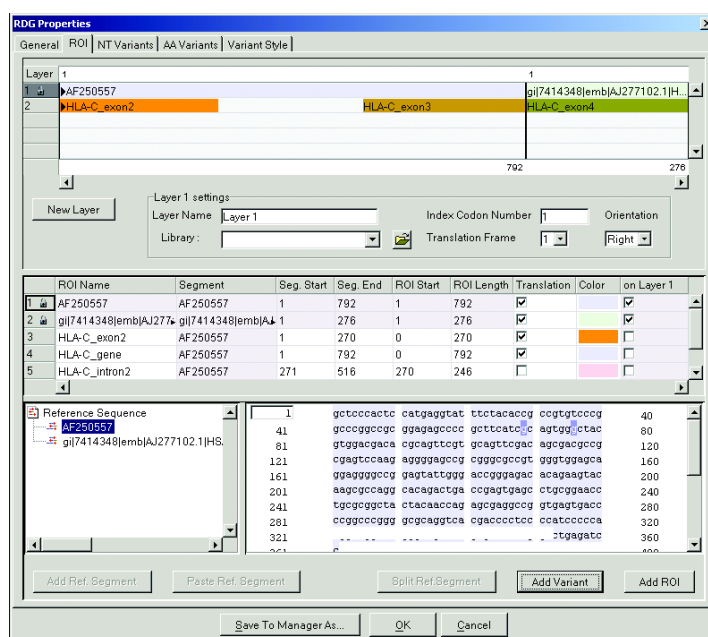


- 必要に応じて、バリエーションの表示に使用するスタイル（色）を選択し、バリエーションの説明を入力します。
- 「Create Another」をクリックしてさらにバリエーションを追加するか、「OK」をクリックしてバリエーションを RDG に保存します。

## プロジェクトへのバリエーションの追加

### プロジェクトにバリエーションを追加するには

- 「Project」ウィンドウから、「Analysis」>「RDG Properties」を選択します。
- 「ROI」タブを選択します。
- 次のいずれかの操作を実行して、バリエーションについて指定します。
  - 置換バリエーションに対応する塩基または欠失バリエーションの塩基の範囲を選択します。
  - 挿入バリエーションの挿入位置をクリックします。
- 「Add Variant」を選択します。



- 「New NT Variant」ダイアログボックスで、「Position」および「Reference base」が入力されていることを確認します。
- 「Base Change」、「Insertion」、または「Deletion」をクリックしてバリエーションの種類を選択し、「Variant base」に入力します。
- 必要に応じて、バリエーションのスタイルを選択し、バリエーションの説明を入力します。
- 「OK」をクリックし、バリエーションをプロジェクトに保存します。

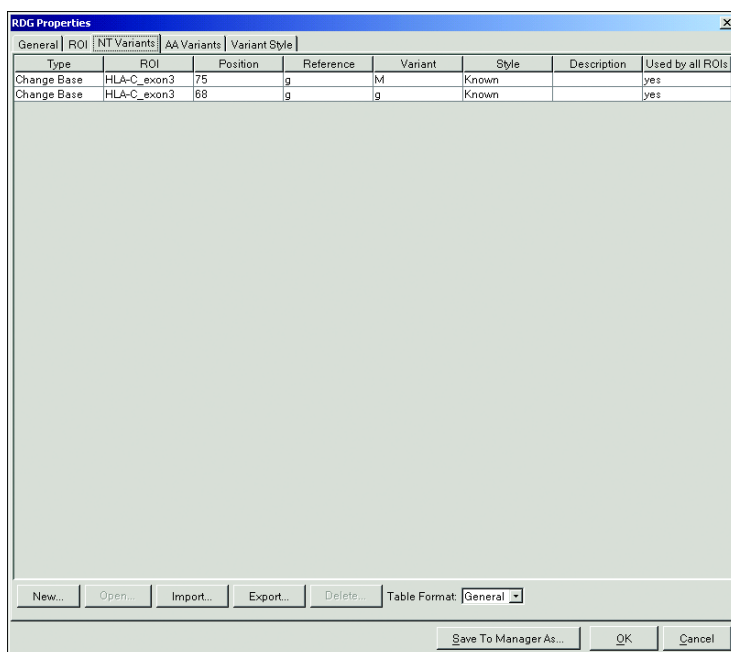
## プロジェクトへの バリエーションのインポート

プロジェクトにインポートするバリエーションは、次のいずれかの形式である必要があります。

- タブで区切られたテキスト ファイル形式
- アライメントされたシーケンスが含まれるテキスト ファイル形式

バリエーションをプロジェクトにインポートするには

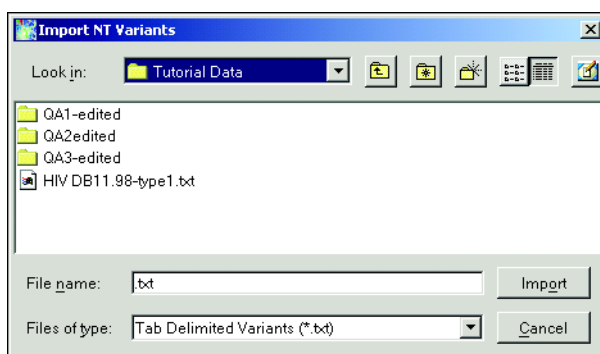
1. 「RDG Properties」 ダイアログ ボックスを開き、「NT Variants」 タブを選択します。
2. 「Import」 をクリックします。



3. 適切なファイルを移動して選択します。

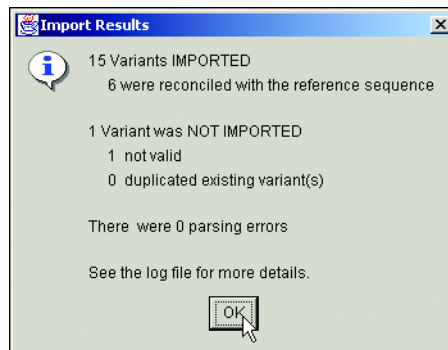
注：このファイルは、「File Types」 フィールドで指定されたタブで区切られたテキスト ファイルである必要があります。

4. 「Import」 をクリックします。



5. リファレンス セグメントを選択し、「OK」 をクリックします。
6. データをインポートすると、「Import Results」 ダイアログ ボックスが開き、インポートに関する情報が表示されます。

7. この情報を確認し、「OK」をクリックします。



このバリエントが「RDG Properties」ダイアログ ボックスの「NT Variants」タブに表示されます。

## プロジェクト情報のインポートとエクスポート

### インポートとエクスポートについて

プロジェクト情報のインポートおよびエクスポートを行うと、プロジェクト情報を別のコンピュータに転送することができます。

Project Template、リファレンス データ グループ、ヌクレオチドおよびアミノ酸バリエーション表、ライブラリ、Analysis Defaults のエクスポートまたはインポートは、SeqScape Manager から行うことができます。これにより、様々なデータ ストアの結果を確認および比較できるようになります。

**注：**SeqScape Manager のエクスポートおよびインポート機能では、ファイル拡張子 CTF が使用されます。

### SeqScape Manager からのインポート

SeqScape Manager からインポートするには

1. 「Tools」>「SeqScape Manager」を選択します。
2. インポート先の任意のタブを選択します。
3. 「Import」をクリックします。
4. インポートするファイルへ移動します。
5. 「Import」をクリックします。

インポートしたファイルが適切なタブのリストに表示されます。

### SeqScape Manager からのエクスポート

SeqScape Manager からエクスポートするには

1. 「Tools」>「SeqScape Manager」を選択します。
2. エクスポート元の任意のタブを選択します。
3. リストからエクスポートするファイルを選択し、「Export」をクリックします。
4. エクスポートする場所を移動します。
5. 必要に応じて、.ctf 拡張子を使用してファイルの名前を変更します。
6. 「Export」をクリックします。

エクスポートしたファイルは、別のプロジェクトにインポートできるようになります。



## 結果の表示

---

この章では、次の項目について説明します。

|                                  |      |
|----------------------------------|------|
| この章のワークフロー .....                 | 7-2  |
| プロジェクト データについて .....             | 7-3  |
| Project ビュー .....                | 7-4  |
| Specimen ビュー .....               | 7-8  |
| Segment ビュー .....                | 7-9  |
| Sample ビュー .....                 | 7-12 |
| バリエーションの表示 .....                 | 7-15 |
| レポートについて .....                   | 7-16 |
| レポートの表示 .....                    | 7-17 |
| レポートとプロジェクト結果の表示 .....           | 7-18 |
| Analysis QC レポート .....           | 7-19 |
| Mutations レポート .....             | 7-20 |
| AA Variants レポート .....           | 7-22 |
| Specimen Statistics レポート .....   | 7-23 |
| Sequence Confirmation レポート ..... | 7-24 |
| Base Frequency レポート .....        | 7-25 |
| Library Search レポート .....        | 7-26 |
| RDG レポート .....                   | 7-27 |
| Audit Trail レポート .....           | 7-28 |
| Genotyping レポート .....            | 7-29 |
| レポートのカスタマイズ .....                | 7-32 |

## この章のワークフロー

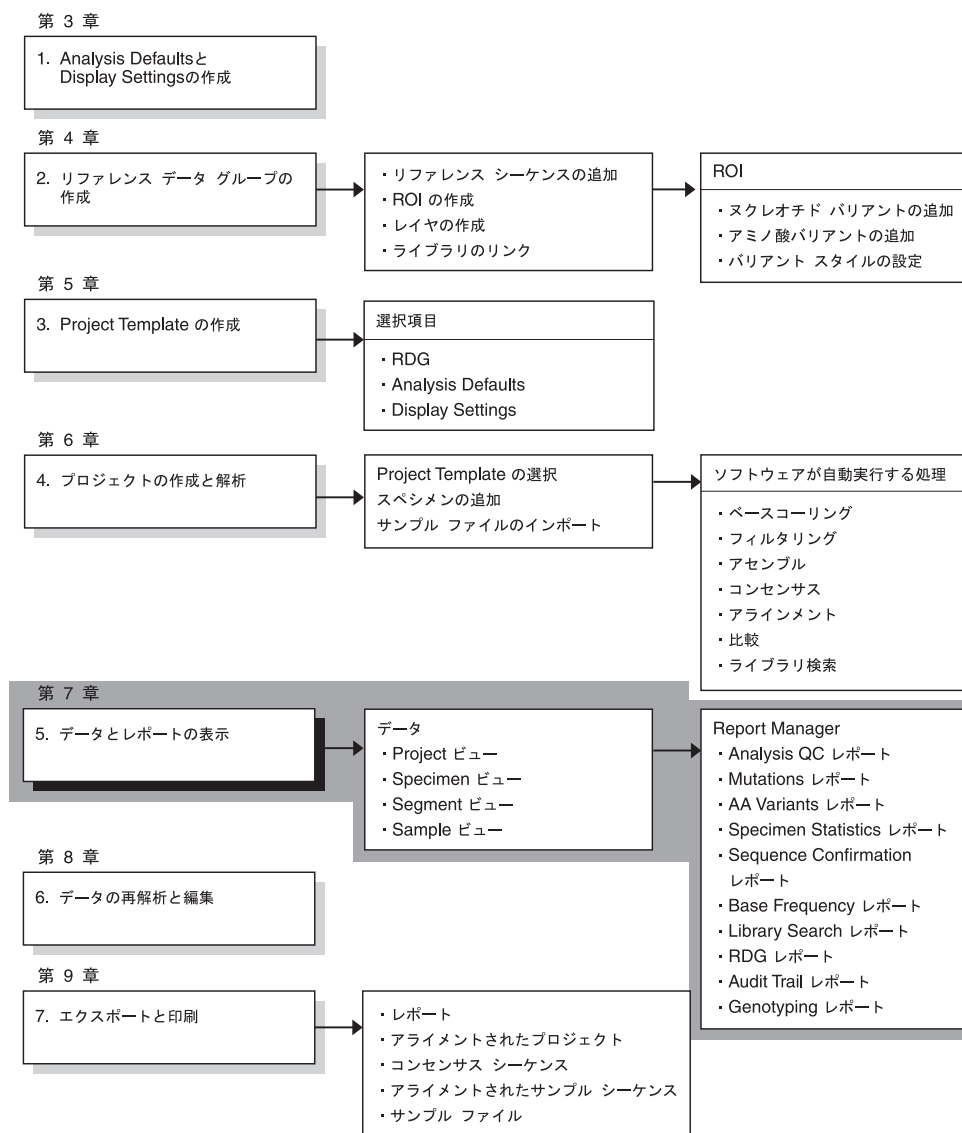


図 7-1 データおよびレポートの表示手順の位置付け

# プロジェクト データについて

**表示形式** 結果は、次の形式で表示することができます。

- Project ビュー - すべてのスペシメン コンセンサス シーケンスのサマリ
- Specimen ビュー - 各スペシメンに含まれるすべてのセグメント シーケンスのサマリ
- Segment ビュー - 各セグメントに含まれるすべてのサンプル シーケンスのサマリ
- Sample ビュー - 各サンプルのデータのサマリ

**データの表示法** シーケンス データは、次の表示法に従って表示されます。

- 各ミックススペース（または選択したミックススペース）は、単一の IUB コードで表されます。詳細については、付録 C「翻訳表」を参照してください。
- アライメントされたシーケンス内のスペースは、ダッシュで表示されます。スペースは元のシーケンスには含まれていません。
- Dots ビューおよび Collapsed NT ビューでは、リファレンスと一致する文字がドットで表示されます。
- Project ビューでは、アライメントされたリファレンス シーケンスがテーブルの最上部に表示され、アライメントされたシーケンスはその下の行に表示されます。

**Quality Value の表示** QV（Quality Value）は、サンプル シーケンスおよびコンセンサス シーケンスについて読み取られた各塩基の上にバーで表示されます。バーの高さは、解析によって決定された 1 ～ 99 の値に対応しています。

注：50 ～ 99 の QV では、QV バーのサイズと色は同じです。

注：Quality Value の詳細については、第 10 章「サンプルおよびコンセンサスの Quality Value」を参照してください。

**プロジェクト データの  
エクスポートと印刷** プロジェクト データをエクスポートするには、9-3 ページの「データ ファイルのエクスポート」を参照してください。データを印刷するには、9-10 ページの「データとレポートの印刷」を参照してください。

# Project ビュー

Project ビューには次の 3 種類のビューがあり、一度に 1 つずつ表示することができます。

- Expanded NT
- Collapsed NT
- Expanded AA

## Project ビューの表示 Project ビューを表示するには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. 「Active Layer」ドロップダウン リストからレイヤを選択します。
3. ナビゲーションペインの上部で、「Project」アイコンを選択します。
4. 表 7-1 の手順に従って対象の Project ビューを表示します。

表 7-1 Project ビュー

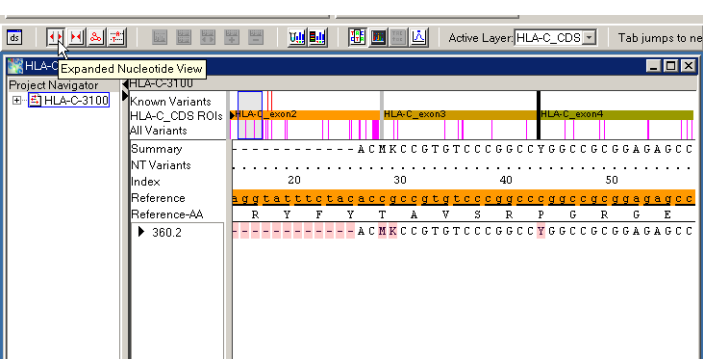
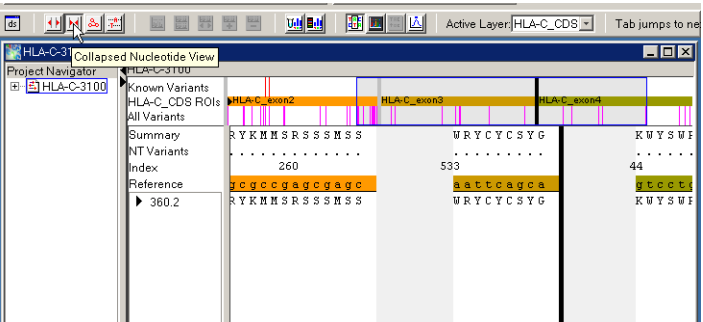
| ビュー                  | 手順                                                                                            | 表示                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|----------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Expanded Nucleotide  |  をクリックします。   |                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| Collapsed Nucleotide |  をクリックします。 | <div><p>このビューには、アライメントされたリファレンスと異なるカラムのみが表示されます。リファレンス シーケンスと一致する塩基は、ドットの設定の状態に関わらずドットで表示されます。</p><p>注： Expanded Nucleotide ビューに戻るには、 (Expanded Nucleotide View) をクリックします。</p></div> |

表 7-1 Project ビュー (続き)

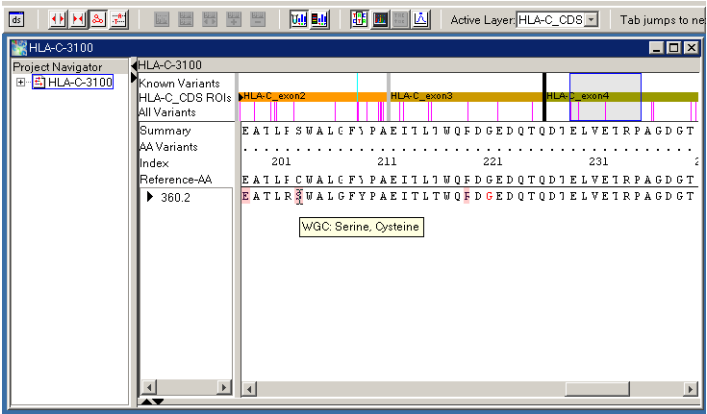
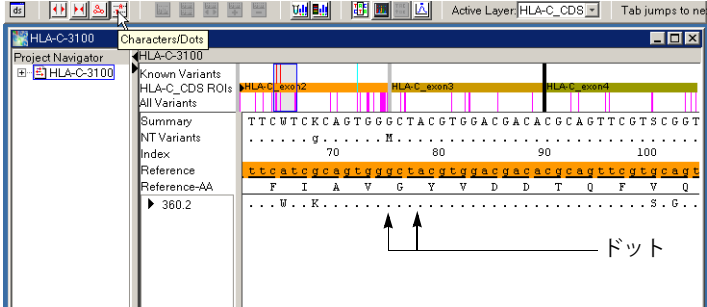
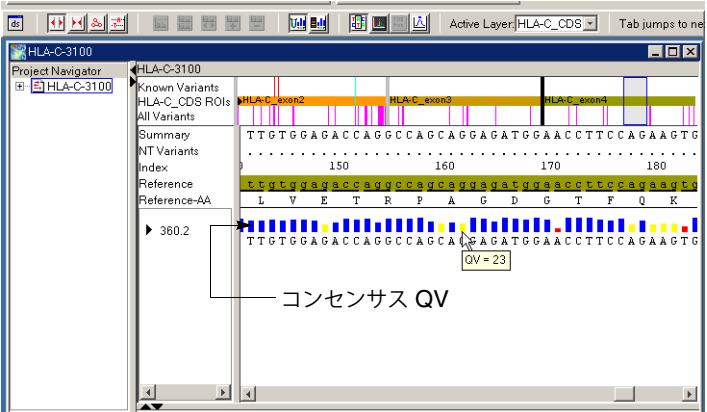
| ビュー                                             | 手順                                                                                                                                                                                                   | 表示                                                                                                                                                                                    |
|-------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Expanded Amino Acids</b><br>(ヌクレオチドシーケンスの翻訳) |  をクリックします。                                                                                                          |  <p>注：アミノ酸の上にポインタを置いたままにすると、その位置の可能性がある翻訳とコドンが表示されます。</p> <p>注：太字の赤い文字（デフォルト）は、縮重するコドンの位置を示します。</p> |
| <b>Dots</b>                                     |  をクリックします。                                                                                                          |  <p>注：リファレンスと一致する文字は、ドットで表示されます。</p>                                                               |
| <b>Consensus QV</b>                             | 1.  をクリックします。<br>2.  をクリックします。 |  <p>注：塩基の上にポインタを置いたままにすると、その塩基に割り当てられた QV の数値が表示されます。</p>                                         |

表 7-1 Project ビュー (続き)

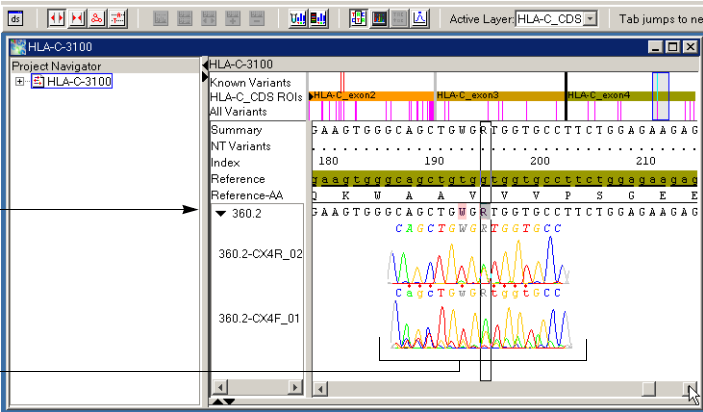
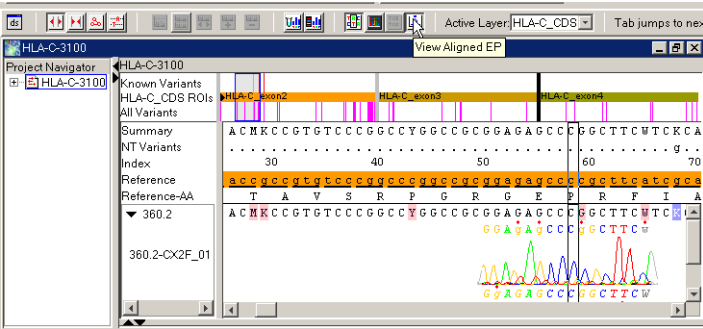
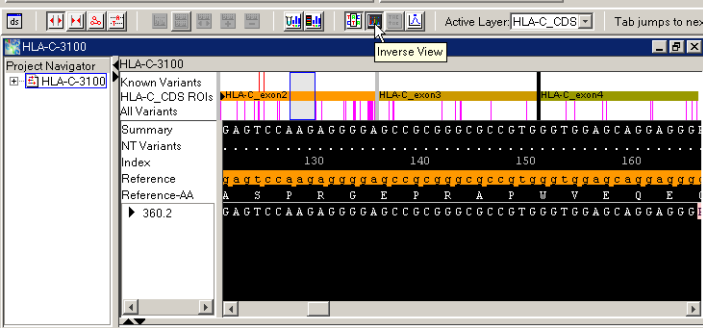
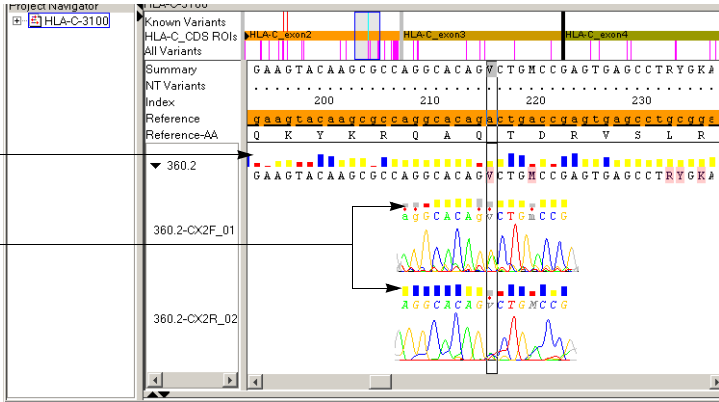
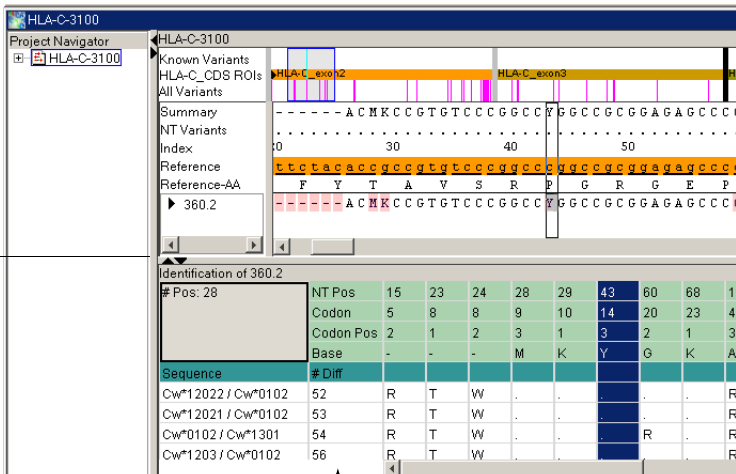
| ビュー                      | 手順                                                                                                                                                 | 表示                                                                                                                                             |
|--------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Electropherogram Snippet | <ol style="list-style-type: none"> <li>Expanded Nucleotide ビューまたは Dot ビューで、サマリまたはスペシメン シーケンスの塩基を選択します。</li> <li>スペシメン名の横にある三角形をクリックします。</li> </ol> |  <p>注: [Ctrl] + [Z] キーを押すと、エレクトロフェログラムの抜粋がビューの中央に表示されます。</p> |
| View Aligned EP          |  をクリックします。                                                       |                                                             |
| Inverse View             |  をクリックします。                                                      |                                                            |

表 7-1 Project ビュー (続き)

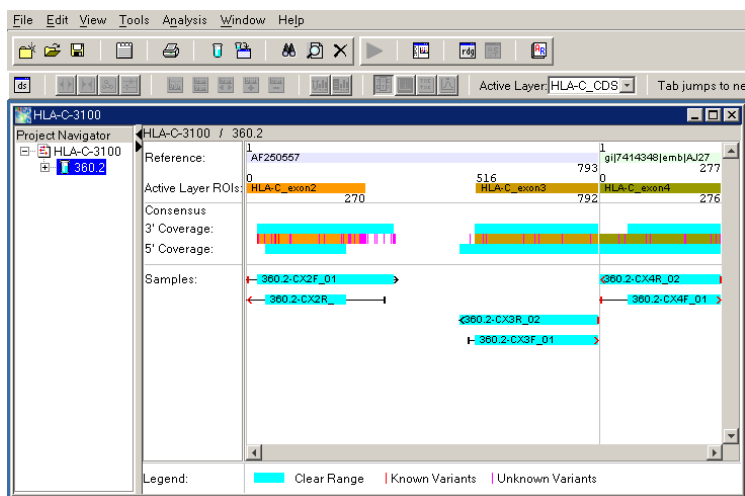
| ビュー                           | 手順                                                                                                                                | 表示                                                                                                                                                                                                                                            |
|-------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| QVs with Snippets<br>または Dots |                                                                                                                                   | Snippet ビューまたは Dots ビューから、サンプル QV の  またはコンセンサス QV の  、あるいはその両方をクリックします。 |
| コンセンサス QV                     |                                                                                                                                   |                                                                                                                                                             |
| サンプル QV                       |                                                                                                                                   |                                                                                                                                                                                                                                               |
|                               |                                                                                                                                   | <p>注：灰色の QV バーは、塩基が編集されたため（以前の塩基が復元されるまで）QV が正しくないことを示します。</p> <p>注：塩基の上にポインタを置いたままにすると、その塩基に割り当てられた QV の数値が表示されます。</p>                                                                                                                       |
| Identification                | <ol style="list-style-type: none"> <li>1. ウィンドウの下部にあるスプリット バーが希望の高さになるまでバーをドラッグします。</li> <li>2. スペシメン シーケンス内の塩基を選択します。</li> </ol> |  <p>「# Diff」カラムには、コンセンサス シーケンスとアレレル シーケンスで異なっている塩基の数が表示されます。</p>                                                                                          |

## Specimen ビュー

スเปシメンの結果は、リファレンス、現在のレイヤに含まれる ROI、およびコンセンサス シーケンスについて、スเปシメンに含まれるすべてのサンプルの位置と方向の模式図として表示されます。

Specimen ビューを表示するには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. 「Active Layer」ドロップダウン リストからレイヤを選択します。
3. ナビゲーションペインで、プロジェクトを開き（必要な場合）、「Specimen」アイコンを選択します。





# Segment ビュー

Segment ビューには、次の 2 種類のビューがあります。

- **Layout ビュー** - そのコンセンサス セグメントとリファレンスについて、サンプルの位置と方向が示された模式図が表示されます。
- **Assembly ビュー** - そのコンセンサスとサンプルのヌクレオチド シーケンス、サンプルのエレクトロフェログラム データ、およびビューの位置が表示されます。

注： Assembly ビューに表示されているビューの位置（青のボックス）は、Layout ビューに赤のラインで示されます。Assembly ビューで希望の位置に移動するには、Layout ビューをクリックします。

表 7-2 は、様々な Assembly ビューの種類を示しています。

## Segment ビューの表示

Segment ビューを表示するには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. 「Active Layer」ドロップダウン リストからレイヤを選択します。
3. ナビゲーション ペインで、スペシメンを開き、セグメントを選択します。
4. 表 7-2 の手順に従って対象の Segment ビューを表示します。

表 7-2 Segment ビュー

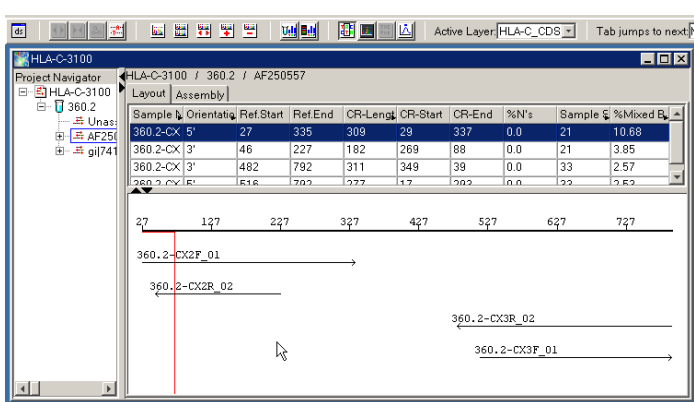
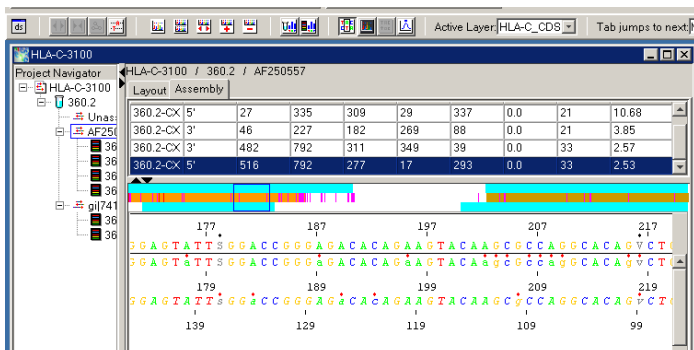
| ビュー               | 手順                  | 表示                                                                                   |
|-------------------|---------------------|--------------------------------------------------------------------------------------|
| Layout            | 「Layout」タブを選択します。   |  |
| Sequence Assembly | 「Assembly」タブを選択します。 |  |

表 7-2 Segment ビュー (続き)

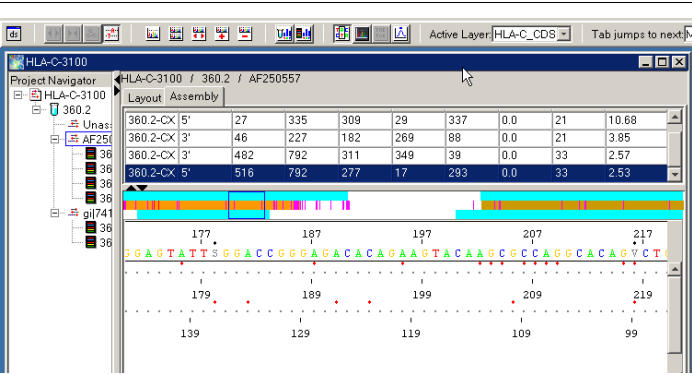
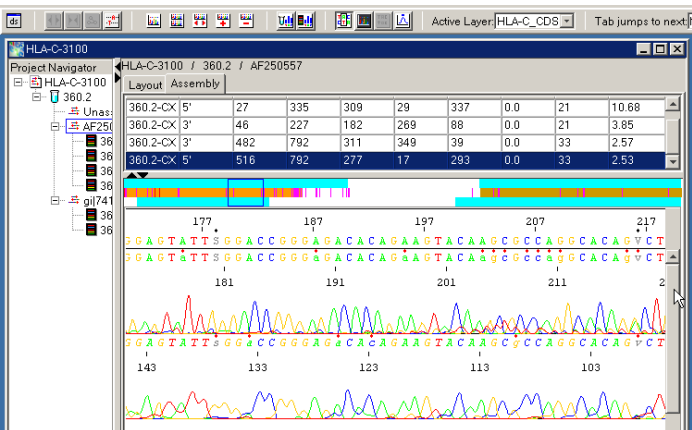
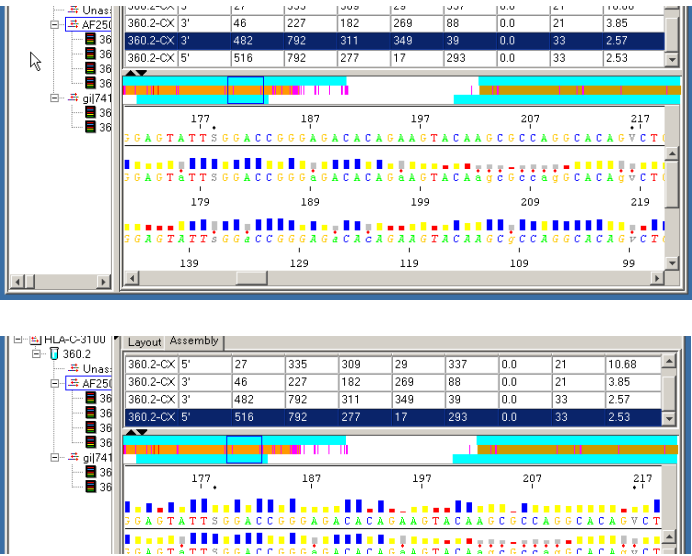
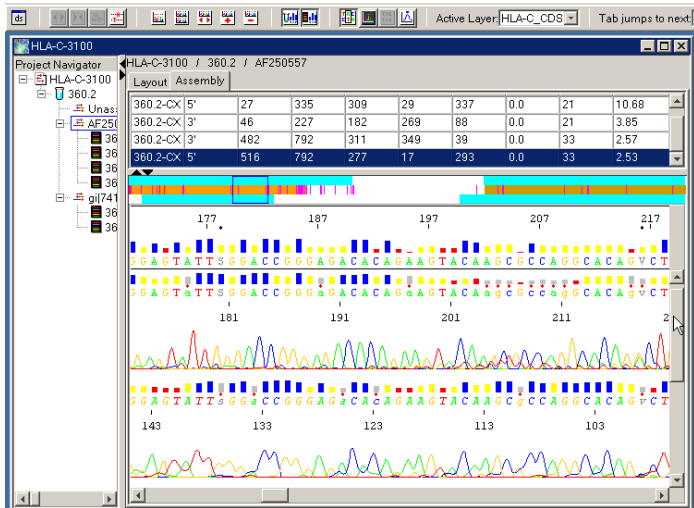
| ビュー                       | 手順                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            | 表示                                                                                   |
|---------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------|
| Dot Assembly              | <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 「<b>Assembly</b>」タブを選択します。</li> <li>2.  をクリックします。</li> </ol>                                                                                                                                                                       |    |
| Electropherogram Assembly | <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 「<b>Assembly</b>」タブを選択します。</li> <li>2. Sample テーブルでサンプルを選択します。</li> <li>3. 複数のエレクトロフェログラムの場合は  をクリックし、1つのエレクトロフェログラムの場合は  をクリックします。</li> </ol> |   |
| QV Assembly               | <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 「<b>Assembly</b>」タブを選択します。</li> <li>2. サンプル QV の場合は  をクリックし、コンセンサス QV の場合は  をクリックします。</li> </ol>                                              |  |

表 7-2 Segment ビュー (続き)

| ビュー                                                                                 | 手順                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      | 表示                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|-------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Assembly<br>(Electropherogram<br>ビューおよび QV<br>ビューは、Sequence<br>または Dot<br>ビューで使用可能) | <ol style="list-style-type: none"> <li>1. 「<b>Assembly</b>」タブを選択します。</li> <li>2.  をクリックします。</li> <li>3.  をクリックします。</li> <li>4.  をクリックします。</li> </ol> |  <p>注: コンセンサス シーケンスの塩基の上に表示される黒のドットは、コンセンサスとリファレンス シーケンスが矛盾していることを示します。また、サンプルの塩基の上に表示される赤のドットは、塩基がコンセンサス コーラによって編集されたことを示します。</p> <p><b>オプション</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>•    (zoom tools) を使用して、ビューを水平方向にズーム イン/アウトします。</li> <li>•  (Aligned EP) を使用して、エレクトロフェログラム ピークの幅が均一になり、塩基の読み取りに合わせてアライメントされるよう、エレクトロフェログラム ピークを水平方向にスケール調整します。</li> <li>•  (View Column Selector) を使用して、カラム セレクタをオンにし、塩基の読み取りが元の (スケール調整されていない) エレクトロフェログラムのピークに合わせてアライメントされた位置を示します。</li> <li>•  (Inverse View) を使用して、背景の表示を白と黒で切り替えます。</li> <li>• 「Find」および「Find Again」を使用して、テキストを検索します。</li> </ul> |

# Sample ビュー

サンプルの結果には、サンプルのデータ特性がすべて含まれます。サンプルのデータ特性は、次のタブに表示されます。

表 7-3 Sample ビューのタブ

| タブ               | 表示される情報                                                                           |
|------------------|-----------------------------------------------------------------------------------|
| Annotation       | データとその解析に関する情報                                                                    |
| Sequence         | NT コードで示されたサンプルのシーケンス。読みやすくするため、シーケンスは、スペースで区切られた 10 文字ずつのサブストリングにクラスタ化されて表示されます。 |
| Features         | 計算された Clear Range と複数の塩基の位置                                                       |
| Electropherogram | サンプルのエレクトロフェログラムおよび Basecall データ。Clear Range から除外されたデータは灰色で表示されます。                |
| Raw              | ジェネティック アナライザによって取り込まれた Raw Data                                                  |

## Sample ビューの表示      Sample ビューを表示するには

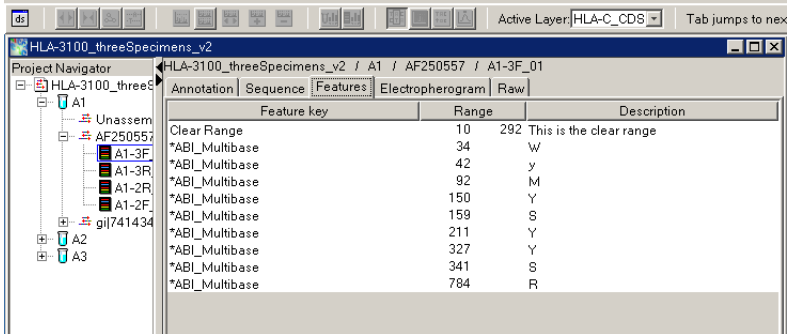
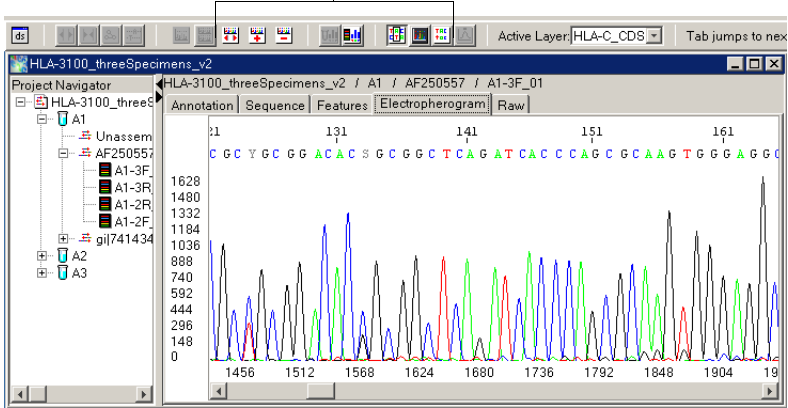
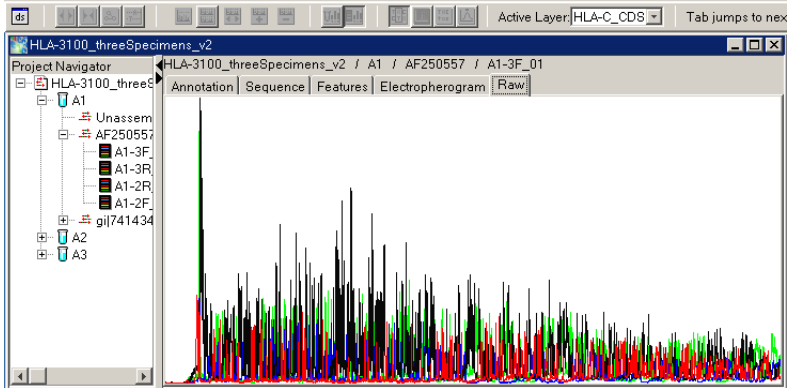
1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. ナビゲーション ペインで、スペシメンを開き、セグメントを開きます。
3. サンプルを選択し、タブを選択します（表 7-3 を参照してください）。
4. ビューを変更するには、新しいタブを選択します。
5. 別のサンプルを表示するには、開いているセグメントから新しいサンプルを選択し、タブを選択します。

5 つのタブに表示されるビューの例は、7-13 ページの表 7-4 「Sample ビュー」を参照してください。

表 7-4 Sample ビュー

|            |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |     |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
|------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|--------------------------------------------------------|----|----|-------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|--------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|--------------------------------------------------------|-----|-----|-----------------------------------------------------|-----|-----|--------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------|-----|---|--------------------------------------------------------|----|----|---------------------------------------------------------|-----|-----|--------------------------------------------------------|-----|-----|--------------------------------------------------------|-----|-----|-------------------------------------------------------|-----|-----|--------------------------------------------------------|-----|
| タブ         | 表示                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |     |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| Annotation | <div><div><div><div>HLA-3100_threeSpecimens_v2</div><div>Project Navigator</div><div><div>HLA-3100_threeSpecimens_v2</div><div><div>A1</div><div>AF250557</div><div>A1-3F_01</div><div>A1-3R_02</div><div>A1-2R_02</div><div>A1-2F_01</div></div><div>gjl7414348jerr</div><div>A2</div><div>A3</div></div></div><div><div>Annotation</div><div>Sequence</div><div>Features</div><div>Electropherogram</div><div>Raw</div></div><div><div>Data Collection</div><div>Sample name: A1-3F_01</div><div>Model: 3100</div><div>Number of Scans: 11557</div><div>Length: 901</div><div>Start Run: 1/24/2001, 14:47:13.0</div><div>Stop Run: 1/24/2001, 17:16:14.0</div><div>Collection Started: 1/24/2001, 14:47:13.0</div><div>Collection Stopped: 1/24/2001, 17:16:14.0</div><div>Dyeset/Primer: DT3100P0P6(BD)v2.mob</div><div>Lot number: 0010008</div><div>Expiration date: 2001/05/01 12:00:00:000</div><div>Instrument name: STEST</div><div>rate in Hz: 1.7857142857142858</div><div>Collection version: 1.0</div><div>Data Analysis</div><div>Base Call Start: 566</div><div>Base Call End: 11557</div><div>Peak 1 Location: 566</div><div>Ave Signal Intensity: G (1442), A (885), T (633), C (556)</div><div>Channels Ave.: 1</div><div>Basecaller: Basecaller-3100P0P6SR.bcp</div><div>Basecaller Version: BC 1.5.1b.3</div><div>Base spacing used: 14.219999</div><div>Length to Detector: 50</div><div>Tube Position: A3</div><div>Module file name: StdSeq50_P0P6DefaultModule</div></div></div></div>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |     |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| Sequence   | <div><div><div><div>HLA-3100_threeSpecimens_v2</div><div>Project Navigator</div><div><div>HLA-3100_threeSpecimens_v2</div><div><div>A1</div><div>AF250557</div><div>A1-3F_01</div><div>A1-3R_02</div><div>A1-2R_02</div><div>A1-2F_01</div></div><div>gjl7414348jerr</div><div>A2</div><div>A3</div></div></div><div><div>Annotation</div><div>Sequence</div><div>Features</div><div>Electropherogram</div><div>Raw</div></div><div><table><tr><td>1</td><td>CTCCAGAGGA TGTRCYGGCT GCGACCTGGG GCCCGACGGG CGCCTCCTCC</td><td>50</td></tr><tr><td>51</td><td>GCGGGTATGA CCAGTMCGCC TACGACGGCA AGGATTACAT CGCCTGAAC</td><td>100</td></tr><tr><td>101</td><td>GAGGACCTGC GCTCCTGGAC CGCYGCGGAC ACSGCGGCTC AGATCACCA</td><td>150</td></tr><tr><td>151</td><td>GCGCAAGTGG GAAGCGGGCC GTGAGCGGGA GCAGYGGAGA GCCTACCTGG</td><td>200</td></tr><tr><td>201</td><td>AGGGCACGTG CTTGGAGTGG CTCCGACAT ACCTGGAAGAA CGGGAAGAG</td><td>250</td></tr><tr><td>251</td><td>ACGCTGCAGC GCGCGGGTAC CAGGGGCGT GGGAGCCTT CCCCATTCTC</td><td>300</td></tr><tr><td>301</td><td>YGTAGATCTC CCGGSATGGC CTCCACGAG GAGGGGAGGA AAATGGGATC</td><td>350</td></tr><tr><td>351</td><td>AGCGCTAGAA TATCGCCCTC CTTGAATGG AGAATGGAT GAGTTTCTCT</td><td>400</td></tr><tr><td>401</td><td>GAGTTTCTCT TGAGGGGCCC CTCTGCTCT TAGGACAAAT AAGGGATGAA</td><td>450</td></tr><tr><td>451</td><td>GTCTTGAGG AAATGGAGGG GAAGACAGTC CTTGGAATAC TGATCAGGGG</td><td>500</td></tr><tr><td>501</td><td>TCCCTTTTGA CCACTTTGAC CACTGCAGCA GCTGTGTGTA GGCTGCTGAC</td><td>550</td></tr><tr><td>551</td><td>CTTCTCTCA GGCCTTGTT TCTGCTCAC GCTCAATGTG TTTGAAGTTT</td><td>600</td></tr><tr><td>601</td><td>TGATTCCAGC TTTTCTGAGT CTTTCGGCCT CCACTCAGGT CAGGACCAGA</td><td>650</td></tr><tr><td>651</td><td>AGTCGCTGTT CTCCCTCAG AGACTAGAAC TTTCGAATGA ATAGGAGATT</td><td>700</td></tr><tr><td>701</td><td>ATCCACAGTG CTTGTGTCCA GGCTGGGCTC TGGTTCTGTG GCCCCTTCC</td><td>750</td></tr><tr><td>751</td><td>CCACCCCGGG TGTCTGTCTC ATTCTCAGGA TGCTMCATG GCGCTGTGTG</td><td>800</td></tr><tr><td>801</td><td>GAGTGTCCCA AGAGAR</td><td>816</td></tr></table></div></div></div> <p>サンプル QV の表示 / 非表示を切り替えるには、 (Show/Hide QV) を使用します。</p> <div><div><div><div>HLA-3100_threeSpecimens_v2</div><div>Project Navigator</div><div><div>HLA-3100_threeSpecimens_v2</div><div><div>A1</div><div>AF250557</div><div>A1-3F_01</div><div>A1-3R_02</div><div>A1-2R_02</div><div>A1-2F_01</div></div><div>gjl7414348jerr</div><div>A2</div><div>A3</div></div></div><div><div>Annotation</div><div>Sequence</div><div>Features</div><div>Electropherogram</div><div>Raw</div></div><div><table><tr><td>1</td><td> ACTGGGGGCG GGCcAGGGTC TCACACCTTC CAGNGGATGT gvgGCTGCCA</td><td>50</td></tr><tr><td>51</td><td> CCTGGGGCCC GACGGGGCCC TCTCTCCGGG GTATGACCAG TMCGCCCTACG</td><td>100</td></tr><tr><td>101</td><td> ACGSCAAGGA TTACATTGCC CTGAACAGAG ACCTGGCGTC CTGACCGGCT</td><td>150</td></tr><tr><td>151</td><td> GCGGACACSG CGGCTCAGAT CACCCAGGCG AaGTGGGAGG CGGCCCCTGA</td><td>200</td></tr><tr><td>201</td><td> GCGGAGCAG YGgaAGGCTT ACCTGGAGGG CACGTGCGTG GAGTGGCTCC</td><td>250</td></tr><tr><td>251</td><td> GCAGATACCT GGAGAACGGG AAGGAGACGC TGACGGCGCG GGGTACCAAG</td><td>300</td></tr></table></div></div></div> | 1   | CTCCAGAGGA TGTRCYGGCT GCGACCTGGG GCCCGACGGG CGCCTCCTCC | 50 | 51 | GCGGGTATGA CCAGTMCGCC TACGACGGCA AGGATTACAT CGCCTGAAC | 100 | 101 | GAGGACCTGC GCTCCTGGAC CGCYGCGGAC ACSGCGGCTC AGATCACCA | 150 | 151 | GCGCAAGTGG GAAGCGGGCC GTGAGCGGGA GCAGYGGAGA GCCTACCTGG | 200 | 201 | AGGGCACGTG CTTGGAGTGG CTCCGACAT ACCTGGAAGAA CGGGAAGAG | 250 | 251 | ACGCTGCAGC GCGCGGGTAC CAGGGGCGT GGGAGCCTT CCCCATTCTC | 300 | 301 | YGTAGATCTC CCGGSATGGC CTCCACGAG GAGGGGAGGA AAATGGGATC | 350 | 351 | AGCGCTAGAA TATCGCCCTC CTTGAATGG AGAATGGAT GAGTTTCTCT | 400 | 401 | GAGTTTCTCT TGAGGGGCCC CTCTGCTCT TAGGACAAAT AAGGGATGAA | 450 | 451 | GTCTTGAGG AAATGGAGGG GAAGACAGTC CTTGGAATAC TGATCAGGGG | 500 | 501 | TCCCTTTTGA CCACTTTGAC CACTGCAGCA GCTGTGTGTA GGCTGCTGAC | 550 | 551 | CTTCTCTCA GGCCTTGTT TCTGCTCAC GCTCAATGTG TTTGAAGTTT | 600 | 601 | TGATTCCAGC TTTTCTGAGT CTTTCGGCCT CCACTCAGGT CAGGACCAGA | 650 | 651 | AGTCGCTGTT CTCCCTCAG AGACTAGAAC TTTCGAATGA ATAGGAGATT | 700 | 701 | ATCCACAGTG CTTGTGTCCA GGCTGGGCTC TGGTTCTGTG GCCCCTTCC | 750 | 751 | CCACCCCGGG TGTCTGTCTC ATTCTCAGGA TGCTMCATG GCGCTGTGTG | 800 | 801 | GAGTGTCCCA AGAGAR | 816 | 1 | ACTGGGGGCG GGCcAGGGTC TCACACCTTC CAGNGGATGT gvgGCTGCCA | 50 | 51 | CCTGGGGCCC GACGGGGCCC TCTCTCCGGG GTATGACCAG TMCGCCCTACG | 100 | 101 | ACGSCAAGGA TTACATTGCC CTGAACAGAG ACCTGGCGTC CTGACCGGCT | 150 | 151 | GCGGACACSG CGGCTCAGAT CACCCAGGCG AaGTGGGAGG CGGCCCCTGA | 200 | 201 | GCGGAGCAG YGgaAGGCTT ACCTGGAGGG CACGTGCGTG GAGTGGCTCC | 250 | 251 | GCAGATACCT GGAGAACGGG AAGGAGACGC TGACGGCGCG GGGTACCAAG | 300 |
| 1          | CTCCAGAGGA TGTRCYGGCT GCGACCTGGG GCCCGACGGG CGCCTCCTCC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 50  |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 51         | GCGGGTATGA CCAGTMCGCC TACGACGGCA AGGATTACAT CGCCTGAAC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 100 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 101        | GAGGACCTGC GCTCCTGGAC CGCYGCGGAC ACSGCGGCTC AGATCACCA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 150 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 151        | GCGCAAGTGG GAAGCGGGCC GTGAGCGGGA GCAGYGGAGA GCCTACCTGG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 200 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 201        | AGGGCACGTG CTTGGAGTGG CTCCGACAT ACCTGGAAGAA CGGGAAGAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 250 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 251        | ACGCTGCAGC GCGCGGGTAC CAGGGGCGT GGGAGCCTT CCCCATTCTC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          | 300 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 301        | YGTAGATCTC CCGGSATGGC CTCCACGAG GAGGGGAGGA AAATGGGATC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 350 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 351        | AGCGCTAGAA TATCGCCCTC CTTGAATGG AGAATGGAT GAGTTTCTCT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          | 400 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 401        | GAGTTTCTCT TGAGGGGCCC CTCTGCTCT TAGGACAAAT AAGGGATGAA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 450 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 451        | GTCTTGAGG AAATGGAGGG GAAGACAGTC CTTGGAATAC TGATCAGGGG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 500 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 501        | TCCCTTTTGA CCACTTTGAC CACTGCAGCA GCTGTGTGTA GGCTGCTGAC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 550 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 551        | CTTCTCTCA GGCCTTGTT TCTGCTCAC GCTCAATGTG TTTGAAGTTT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           | 600 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 601        | TGATTCCAGC TTTTCTGAGT CTTTCGGCCT CCACTCAGGT CAGGACCAGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 650 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 651        | AGTCGCTGTT CTCCCTCAG AGACTAGAAC TTTCGAATGA ATAGGAGATT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 700 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 701        | ATCCACAGTG CTTGTGTCCA GGCTGGGCTC TGGTTCTGTG GCCCCTTCC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 750 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 751        | CCACCCCGGG TGTCTGTCTC ATTCTCAGGA TGCTMCATG GCGCTGTGTG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 800 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 801        | GAGTGTCCCA AGAGAR                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             | 816 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 1          | ACTGGGGGCG GGCcAGGGTC TCACACCTTC CAGNGGATGT gvgGCTGCCA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 50  |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 51         | CCTGGGGCCC GACGGGGCCC TCTCTCCGGG GTATGACCAG TMCGCCCTACG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       | 100 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 101        | ACGSCAAGGA TTACATTGCC CTGAACAGAG ACCTGGCGTC CTGACCGGCT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 150 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 151        | GCGGACACSG CGGCTCAGAT CACCCAGGCG AaGTGGGAGG CGGCCCCTGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 200 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 201        | GCGGAGCAG YGgaAGGCTT ACCTGGAGGG CACGTGCGTG GAGTGGCTCC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         | 250 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |
| 251        | GCAGATACCT GGAGAACGGG AAGGAGACGC TGACGGCGCG GGGTACCAAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        | 300 |                                                        |    |    |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                      |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |     |                                                     |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                                                       |     |     |                   |     |   |                                                        |    |    |                                                         |     |     |                                                        |     |     |                                                        |     |     |                                                       |     |     |                                                        |     |

表 7-4 Sample ビュー (続き)

| タブ               | 表示                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
|------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Features         |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| Electropherogram | <p>アクティブなツール</p>  <p>オプション</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• (zoom tools) を使用して、ビューを水平方向にズーム イン / アウトします。</li> <li>• (Show/Hide QV) を使用して、サンプル QV の表示 / 非表示を切り替えます。</li> <li>• (Inverse View) を使用して、背景の表示を白と黒で切り替えます。</li> <li>• (View Original Sequence) を使用して、ソフトウェアによって読み取られた元のシーケンスの表示 / 非表示を切り替えます。</li> <li>• 「Find」および「Find Again」を使用して、テキストを検索します。</li> </ul> |
| Raw              |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |

## バリエーションの表示

ここでは、バリエーション データを表示する 2 つの方法について説明します。

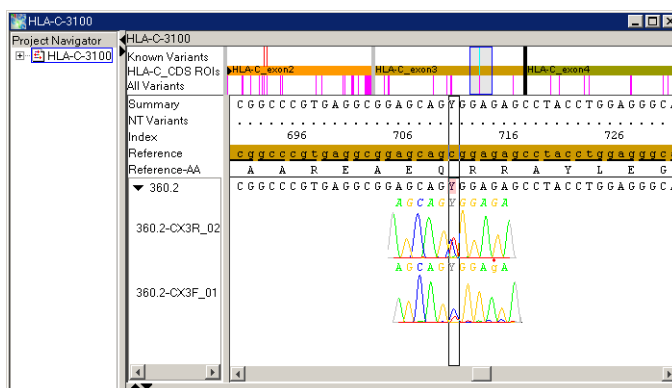
**注：** バリエーション データを編集するには、8-15 ページの「バリエーションの編集」を参照してください。

### バリエーション データを表示するには

#### 方法 1

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. コンセンサスの塩基をクリックします。
3. スペシメン名の横に表示される三角形をクリックし、エレクトロフェログラムの抜粋を表示します。
4. 「Tab Jump to Next」ドロップダウン リストから「Multiple」を選択し、次に「Known Variant」および「Unknown Variant」を選択します。
5. 次のバリエーションに移動するには、[Tab] キーを押します。前のバリエーションに移動するには、[Shift] - [Tab] キーを押します。

**注：** [Ctrl] + [Z] キーを押すと、選択したバリエーションのエレクトロフェログラムの抜粋がビューの中央に表示されます。



#### 方法 2

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. 「Analysis」> 「Report Manager」を選択するか、 をクリックします。
3. ナビゲーション ペインで、表示するレポートを選択します。
4. 「Window」> 「Tile」を選択します。
5. Mutations テーブルで塩基変更を選択し、位置を確認します。これにより、Alignment ビューにアライメントの正しい位置が表示されます。

**データの保存** 操作を完了したら、「File」> 「Save Project」を選択するか、 をクリックします。

**重要！** すべての変更が保存され、既存のプロジェクトが上書きされます。

## レポートについて

データの解析後、レポートを表示、エクスポート、および印刷することができます。レポートには、基本シーケンス データへのリンクが含まれるため、レポートを利用して結果のトラブルシューティングを行うことができます。また、レポートをプロジェクト結果と併せて使用し、サンプルの評価、Analysis Settings の修正、およびベースコーリングの修正を行えます。

**レポートの種類** プロジェクトを解析するごとに、10 種類のレポートが作成されます。各プロジェクトには、それぞれ次のすべてのレポートが表示される「Report Manager」ウィンドウがあります。

- Analysis QC
- Mutations
- AA Variants
- Specimen Statistics
- Sequence Confirmation
- Base Frequency
- Library Search
- RDG
- Audit Trail
- Genotyping

注：1 度に表示できるレポートは 1 つのみです。

Summary テーブルは、すべてのレポートに共通です。このテーブルには、プロジェクト情報と各レポートの対象となっているスペシメンが示されます。

**レポートのエクスポートと印刷** レポートをエクスポートするには、9-8 ページの「レポートのエクスポート」を参照してください。レポートを印刷するには、9-10 ページの「データとレポートの印刷」を参照してください。



## レポートの表示

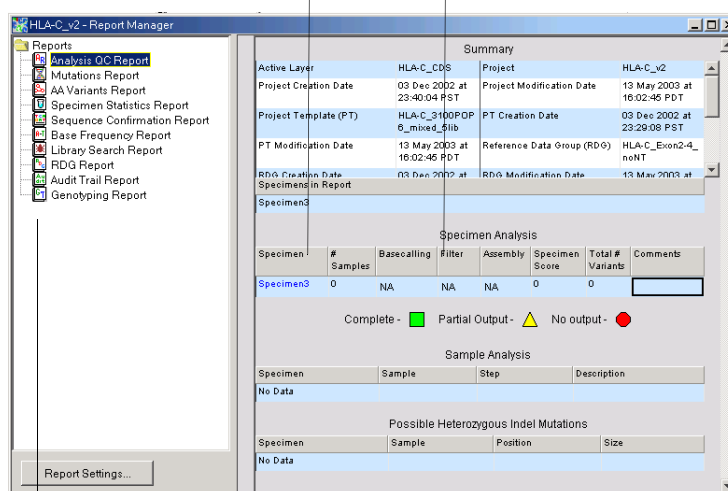
レポートに表示されるデータは、プロジェクトのナビゲーション ペインで選択されたビュー (Project、Specimen、Segment、または Sample) と「Active Layer」ドロップダウン メニューから選択されたレイヤに基づいてフィルタリングされます。

### レポートを表示するには

1. 対象のプロジェクトを開き、アクティブなレイヤを選択します。
2. ナビゲーション ペインで、Project ビュー、Specimen ビュー、Segment ビュー、または Sample ビューを選択します。
3. 「Tools」> 「Report Manager」を選択するか、 をクリックします。

[Ctrl] + ドラッグにより  
コラムの順序を変更します。

右クリックして、コラムの  
表示 / 非表示を切り替えます。



このリストからレポートの種類を選択します。

4. ナビゲーション ペインで、表示するレポートを選択します。
5. 他のレポートを表示するには、ナビゲーション ペインで別のレポートを選択します。

注：1 度に表示できるレポートは 1 つのみです。

6. データを追加してレポートを更新するには、次の操作を実行します。
  - a. プロジェクト内で、追加または別のスペシメン / サンプルを選択します。
  - b.  をクリックし、開いているレポートのデータを更新します。

## レポートとプロジェクト結果の表示

レポートを「Project」ウィンドウと並べて表示すると、リンクを活用して簡単にデータを表示することができます。

プロジェクト結果とレポートを同時に表示するには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. 「Active Layer」ドロップダウン リストからレイヤを選択します。
3. 「Analysis」>「Report Manager」を選択するか、 をクリックします。
4. ナビゲーション ペインで、表示するレポートを選択します。
5. 「Window」>「Tile」を選択します。
6. レポート内のリンク(青のテキスト)をクリックし、Project ビューにデータを表示します。

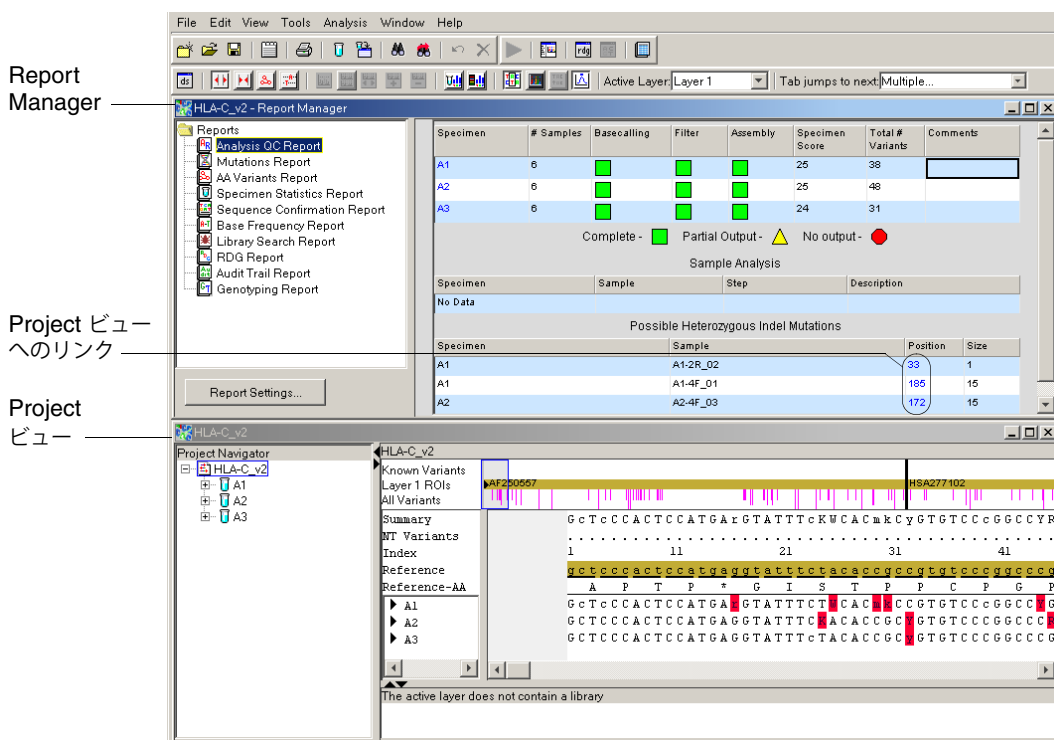


図 7-2 結果とレポートの同時表示

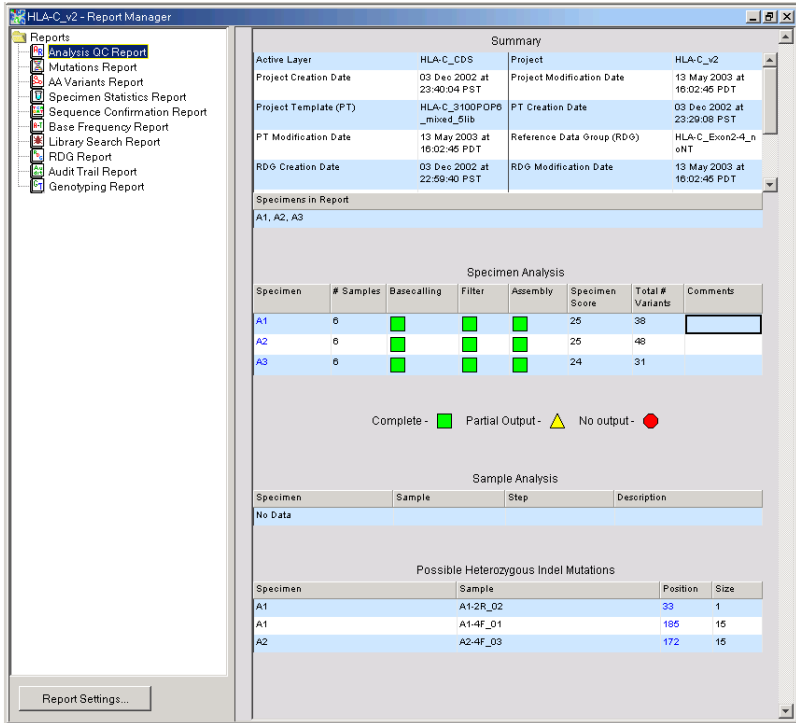
# Analysis QC レポート

Applied Biosystems では、Analysis QC レポートを表示する前に  をクリックすることをお勧めします。

このレポートは、4 つのテーブルで構成されています。青のテキストは、すべて Project Navigator にリンクしています。

表 7-5 Analysis QC レポートの項目

| テーブル                                  | 説明                                                       |
|---------------------------------------|----------------------------------------------------------|
| Summary                               | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンが表示されます。                      |
| Specimen Analysis                     | スペシメンの解析結果、スペシメン スコア（平均コンセンサス QV）、およびバリエーションの合計数が表示されます。 |
| Sample Analysis                       | サンプルの解析エラーと詳細が表示されます。                                    |
| Possible Heterozygous Indel Mutations | 各スペシメンについて、可能性のあるミューテーションとその位置およびサイズが表示されます。             |



**HLA-C\_v2 - Report Manager**

**Reports**

- Analysis QC Report
- Mutations Report
- AA Variants Report
- Specimen Statistics Report
- Sequence Confirmation Report
- Base Frequency Report
- Library Search Report
- RDG Report
- Audit Trail Report
- Genotyping Report

**Summary**

|                       |                             |                            |                             |
|-----------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| Active Layer          | HLA-C_CDS                   | Project                    | HLA-C_v2                    |
| Project Creation Date | 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST | Project Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |
| Project Template (PT) | HLA-C_3100POP6_mixed_5lib   | PT Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST |
| PT Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT | Reference Data Group (RDG) | HLA-C_Exon2-4_n oNT         |
| RDG Creation Date     | 03 Dec 2002 at 22:59:40 PST | RDG Modification Date      | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |

**Specimens in Report**

A1, A2, A3

**Specimen Analysis**

| Specimen | # Samples | Basecalling | Filter | Assembly | Specimen Score | Total # Variants | Comments |
|----------|-----------|-------------|--------|----------|----------------|------------------|----------|
| A1       | 6         |             |        |          | 25             | 38               |          |
| A2       | 6         |             |        |          | 25             | 48               |          |
| A3       | 6         |             |        |          | 24             | 31               |          |

Complete - Partial Output - No output -

**Sample Analysis**

| Specimen | Sample | Step | Description |
|----------|--------|------|-------------|
| No Data  |        |      |             |

**Possible Heterozygous Indel Mutations**

| Specimen | Sample   | Position | Size |
|----------|----------|----------|------|
| A1       | A1-2R_02 | 33       | 1    |
| A1       | A1-4F_01 | 105      | 15   |
| A2       | A2-4F_03 | 172      | 15   |

Report Settings...

図 7-3 Analysis QC レポート

## Mutations レポート

このレポートは、2つのテーブルで構成されています。青のテキストは、すべて Project Navigator にリンクしています。

表 7-6 Mutation レポートの項目

| テーブル      | 説明                                                               |
|-----------|------------------------------------------------------------------|
| Summary   | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンが表示されます。                              |
| Mutations | スペシメンで検出された各ミューテーションについて、変更された塩基、ROI、位置、長さ、種類、QV、および効果情報が表示されます。 |

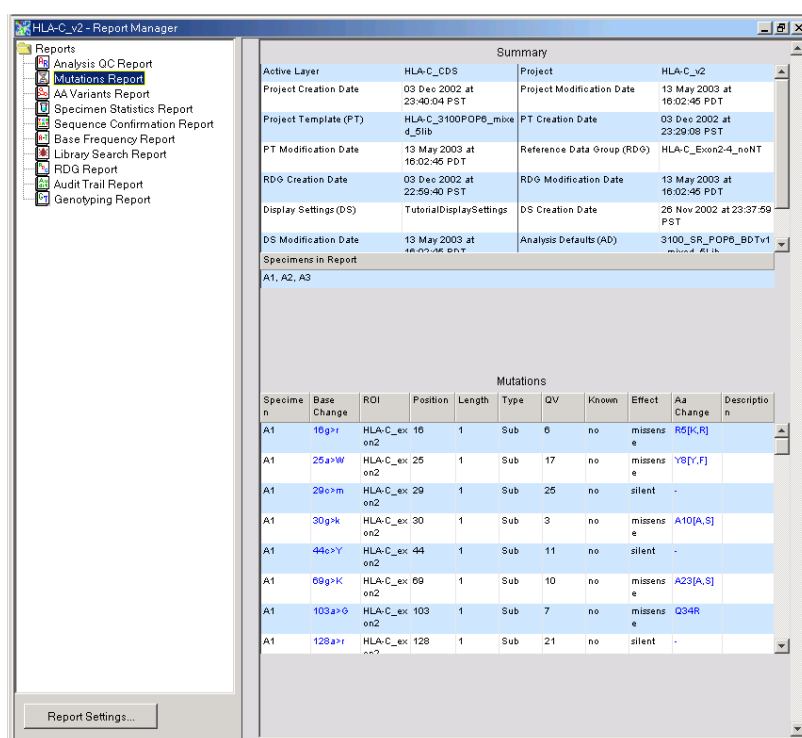


図 7-4 Mutations レポート

Mutations レポートには、各ヌクレオチドバリエーションについて予測される「効果」が示されるカラムが含まれます。表 7-7 は、「Effect」カラムに表示される可能性のある値を示しています。

Mutation レポートで NT バリエーションをクリックすると、Project ビューの対応する塩基に移動します。Mutation レポートの対応する AA の変更は、AA Variants レポートの AA バリエーションにリンクしています。この AA バリエーションは、さらに Project AA ビューの AA にリンクしています。

表 7-7 ヌクレオチド バリエントの予測される効果

| 効果                              | 説明                                                                                  |
|---------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------|
| Missense                        | アミノ酸の置換を表す置換バリエント コード                                                               |
| Nonsense                        | ターミネータ コドンを表す置換バリエント コード（ミックス コドンでは、いずれかのコドンがターミネータ コドンの場合、「nonsense」が表示されます）       |
| Silent                          | 置換バリエントがコーディング領域内にありますが、アミノ酸の変更は生じません。                                              |
| Frameshift insertion            | 挿入バリエントがコーディング領域内にあり、翻訳時にフレームシフトを生じます（挿入のサイズは 3 の倍数になりません）。                         |
| Frameshift deletion             | 欠失バリエントがコーディング領域内にあり、翻訳時にフレームシフトを生じます（欠失のサイズは 3 の倍数になりません）。                         |
| In-frame insertion              | 挿入バリエントがコーディング領域内にあり、翻訳時にフレームシフトは生じません（挿入のサイズは 3 倍数です）。                             |
| In-frame deletion               | 欠失バリエントがコーディング領域内にあり、翻訳時にフレームシフトは生じません（欠失のサイズは 3 の倍数です）。                            |
| Non-coding                      | バリエントがコーディング領域にありません。                                                               |
| Partial codon                   | バリエントがコーディング領域内にありますが、シーケンスの最初または最後に存在するため、3 つの塩基による完全なコドン シーケンスが不明です。              |
| No information                  | バリエントは、リファレンス シーケンスを完全にはカバーしていないコンセンサス シーケンスの結果です。これらは実際のバリエントではないため、実際の効果を予測できません。 |
| Heterozygous deletion/insertion | スペシメン レベルのヘテロ接合挿入 / 欠損ミューテーション（HIM）の検出                                              |

## AA Variants レポート

このレポートは、2つのテーブルで構成されています。青のテキストは、すべて Project Navigator にリンクしています。

表 7-8 AA Variant レポートの項目

| テーブル       | 説明                                                         |
|------------|------------------------------------------------------------|
| Summary    | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンが表示されます。                        |
| AA Variant | スペシメンで検出された各バリエーションについて、変更された AA、位置、長さ、種類、QV、および説明が表示されます。 |

| Summary               |                             |                            |                             |  |  |  |  |
|-----------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|--|--|--|--|
| Active Layer          | HLA-C_CDS                   | Project                    | HLA-C_v2                    |  |  |  |  |
| Project Creation Date | 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST | Project Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT |  |  |  |  |
| Project Template (PT) | HLA-C_3100POPB_mixed_5lib   | PT Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST |  |  |  |  |
| PT Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT | Reference Data Group (RDG) | HLA-C_Exon2-4_noNT          |  |  |  |  |
| RDG Creation Date     | 03 Dec 2002 at 22:59:40 PST | RDG Modification Date      | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT |  |  |  |  |
| Display Settings (DS) | TutorialDisplaySettings     | DS Creation Date           | 26 Nov 2002 at 23:37:59 PST |  |  |  |  |

| Specimens in Report |  |  |  |  |  |  |  |
|---------------------|--|--|--|--|--|--|--|
| A1, A2, A3          |  |  |  |  |  |  |  |

| Layer Translation |                   |                         |                    |
|-------------------|-------------------|-------------------------|--------------------|
| Layer Translated  | Translation Frame | Translation Orientation | Index Codon Number |
| yes               | 3                 | forward                 | 1                  |

| AA Variants |           |          |        |      |       |                         |             |
|-------------|-----------|----------|--------|------|-------|-------------------------|-------------|
| Specimen    | AA Change | Position | Length | Type | Known | NT Change               | Description |
| A1          | R6[K,R]   | 5        | 1      | Sub  | no    | 16g>r ROI: HLA-C_exon2  |             |
| A1          | Y8[Y,F]   | 8        | 1      | Sub  | no    | 25a>w ROI: HLA-C_exon2  |             |
| A1          | A10[A,S]  | 10       | 1      | Sub  | no    | 30g>k ROI: HLA-C_exon2  |             |
| A1          | A23[A,S]  | 23       | 1      | Sub  | no    | 69g>k ROI: HLA-C_exon2  |             |
| A1          | Q34R      | 34       | 1      | Sub  | no    | 103a>g ROI: HLA-C_exon2 |             |
| A1          | T72[T,A]  | 72       | 1      | Sub  | no    | 216a>r ROI: HLA-C_exon2 |             |
| A1          | R96[R,W]  | 96       | 1      | Sub  | no    | 18a>w ROI: HLA-C_exon3  |             |

図 7-5 AA Variant レポート

# Specimen Statistics レポート

このレポートは、3つのテーブルで構成されています。

表 7-9 Specimen Statistics レポートの項目

| テーブル                | 説明                                                                                            |
|---------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------|
| Summary             | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンが表示されます。                                                           |
| Specimen Statistics | 各スペシメンで検出された各ミューテーションについて、変更された塩基、ROI、位置、長さ、種類、QV、および効果情報が表示されます。                             |
| Sample Results      | 各サンプルについて、スペシメン、セグメント、アセンブリ ステータス、算出された Clear Range、サンプル スコア（平均 QV）、およびミック スペースの割合（%）が表示されます。 |

HLA-C\_v2 - Report Manager

Reports

- Analysis QC Report
- Mutations Report
- AA Variants Report
- Specimen Statistics Report**
- Sequence Confirmation Report
- Base Frequency Report
- Library Search Report
- RDG Report
- Audit Trail Report
- Genotyping Report

Summary

|                       |                             |                            |                             |
|-----------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| Active Layer          | HLA-Cv2                     | Project                    | HLA-C_v2                    |
| Project Creation Date | 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST | Project Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT |
| Project Template (PT) | HLA-C_3100POPB_mixed_5lib   | PT Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST |
| PT Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT | Reference Data Group (RDG) | HLA-C_Exon2-4_noNT          |
| RDG Creation Date     | 03 Dec 2002 at 22:59:40 PST | RDG Modification Date      | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT |

Specimens in Report

A1, A2, A3

Specimen Statistics

| Specimen | Segment   | User Edited | Insertions | Deletions | Base Changes | Range on Reference | Length | Segment Score | Samples | Continuous | Coverage | Match |
|----------|-----------|-------------|------------|-----------|--------------|--------------------|--------|---------------|---------|------------|----------|-------|
| A1       | AF250557  | no          | 0          | 1         | 33           | [1:794]            | 792    | 25            | 4       | no         | 1.5X     | no    |
| A1       | HSA277102 | no          | 0          | 0         | 4            | [1:276]            | 276    | 27            | 2       | yes        | 1.8X     | no    |
| A2       | AF250557  | no          | 0          | 1         | 35           | [1:794]            | 794    | 25            | 4       | no         | 1.3X     | no    |
| A2       | HSA277102 | no          | 0          | 0         | 12           | [1:276]            | 276    | 28            | 2       | yes        | 1.8X     | no    |
| A3       | AF250557  | no          | 0          | 1         | 26           | [1:794]            | 792    | 24            | 4       | no         | 1.2X     | no    |
| A3       | HSA277102 | no          | 0          | 0         | 4            | [1:276]            | 276    | 27            | 2       | yes        | 1.4X     | no    |

Sample Results

| Sample   | Specimen | Segment   | Orientation | Assembled | Clear Range | Range on Reference | Sample Score | Mixed Base % |
|----------|----------|-----------|-------------|-----------|-------------|--------------------|--------------|--------------|
| A1-2F_01 | A1       | AF250557  | forward     | yes       | [3:338]     | [1:336]            | 21           | 5.65         |
| A1-2R_02 | A1       | AF250557  | reverse     | yes       | [3:1454]    | [1:261]            | 21           | 3.06         |
| A1-4R_02 | A1       | HSA277102 | reverse     | yes       | [299:24]    | [1:276]            | 28           | 1.44         |
| A1-4F_01 | A1       | HSA277102 | forward     | yes       | [6:1:283]   | [54:276]           | 21           | 1.79         |
| A1-3R_02 | A1       | AF250557  | reverse     | yes       | [3:48:38]   | [482:792]          | 33           | 2.57         |
| A1-3F_01 | A1       | AF250557  | forward     | yes       | [20:292]    | [520:792]          | 33           | 2.56         |

Report Settings...

図 7-6 Specimen Statistics レポート

# Sequence Confirmation レポート

このレポートは、2つのテーブルで構成されています。

表 7-10 Sequence Confirmation レポートの項目

| テーブル                  | 説明                                                        |
|-----------------------|-----------------------------------------------------------|
| Summary               | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンが表示されます。                       |
| Sequence Confirmation | 各スペシメンについて、マッチ、挿入数、欠失数、塩基数、カバレッジの割合、および連続しているかどうかが表示されます。 |

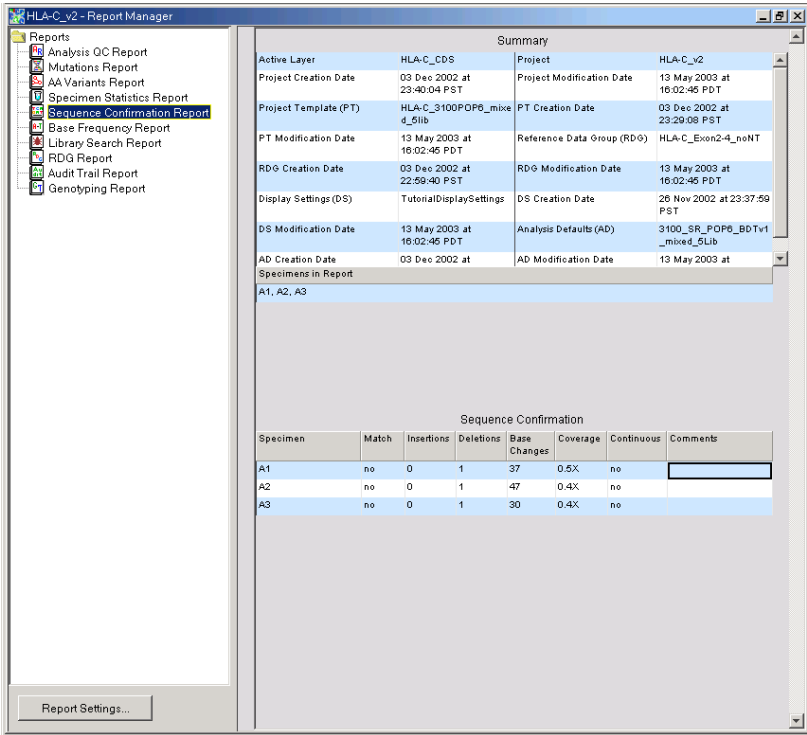


図 7-7 Sequence Confirmation レポート



# Base Frequency レポート

このレポートは、2つのテーブルで構成されています。

表 7-11 Base Frequency レポートの項目

| テーブル           | 説明                                                   |
|----------------|------------------------------------------------------|
| Summary        | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンが表示されます。                  |
| Base Frequency | 各バリエーション位置について、リファレンス、ROI、各塩基およびスペースの割合 (%) が表示されます。 |

HLA-C\_v2 - Report Manager

Reports

- Analysis QC Report
- Mutations Report
- AA Variants Report
- Specimen Statistics Report
- Sequence Confirmation Report
- Base Frequency Report**
- Library Search Report
- RDG Report
- Audit Trail Report
- Genotyping Report

Summary

Active Layer: HLA-C\_CDS Project: HLA-C\_v2

Project Creation Date: 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST Project Modification Date: 13 May 2003 at 16:02:46 PDT

Project Template (PT): HLA-C\_3100POP6\_mixed\_5Lib PT Creation Date: 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST

PT Modification Date: 13 May 2003 at 16:02:46 PDT Reference Data Group (RDG): HLA-C\_Exon2-4\_noNT

RDG Creation Date: 03 Dec 2002 at 22:59:40 PST RDG Modification Date: 13 May 2003 at 16:02:46 PDT

Display Settings (DS): TutorialDisplaySettings DS Creation Date: 26 Nov 2002 at 23:37:59 PST

DS Modification Date: 13 May 2003 at 16:02:46 PDT Analysis Defaults (AD): 3100\_SR\_POP6\_BDTv1\_mixed\_5Lib

Specimens in Report: A1, A2, A3

Base Frequency

| Variant Position | Reference | ROI         | % A   | % C   | % G   | % T   | % Space |
|------------------|-----------|-------------|-------|-------|-------|-------|---------|
| 16               | g         | HLA-C_exon2 | 33.3  | 0.0   | 100.0 | 0.0   | 0.0     |
| 24               | t         | HLA-C_exon2 | 0.0   | 0.0   | 33.3  | 100.0 | 0.0     |
| 25               | a         | HLA-C_exon2 | 100.0 | 0.0   | 0.0   | 33.3  | 0.0     |
| 29               | c         | HLA-C_exon2 | 33.3  | 100.0 | 0.0   | 0.0   | 0.0     |
| 30               | g         | HLA-C_exon2 | 0.0   | 0.0   | 100.0 | 33.3  | 0.0     |
| 32               | c         | HLA-C_exon2 | 0.0   | 100.0 | 0.0   | 66.6  | 0.0     |
| 44               | c         | HLA-C_exon2 | 0.0   | 100.0 | 0.0   | 33.3  | 0.0     |
| 45               | g         | HLA-C_exon2 | 33.3  | 0.0   | 100.0 | 0.0   | 0.0     |
| 53               | a         | HLA-C_exon2 | 100.0 | 0.0   | 33.3  | 0.0   | 0.0     |
| 61               | g         | HLA-C_exon2 | 66.6  | 0.0   | 100.0 | 0.0   | 0.0     |
| 62               | c         | HLA-C_exon2 | 0.0   | 0.0   | 100.0 | 66.6  | 0.0     |

Report Settings...

図 7-8 Base Frequency レポート

# Library Search レポート

このレポートは、5 つのテーブルで構成されています (7-26 ページの図 7-9 を参照してください)。

表 7-12 Library Search レポートの項目

| テーブル                      | 説明                                                                                              |
|---------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Summary                   | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンが表示されます。                                                             |
| Library                   | 検索に使用されたライブラリと情報が表示されます。                                                                        |
| Specimen Results          | 各スペシメンについて、マッチ ステータス、決定的位置、およびコンスタント ポジション エラーが表示されます。                                          |
| Hit List                  | 各スペシメンについて、検出されたライブラリ マッチ、そのスコア (最も一致しているマッチ)、および不一致情報が表示されます。                                  |
| Constant Positions Errors | 各スペシメンおよび ROI について、位置、スペシメンの塩基、およびライブラリの塩基が表示されます。「Position」カラムの値は、Project Navigator にリンクしています。 |

| Summary                         |                             |                            |                             |                               |                             |
|---------------------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|-------------------------------|-----------------------------|
| Active Layer                    | HLA-C_CDS                   | Project                    | HLA-C_v2                    |                               |                             |
| Project Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST | Project Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |                               |                             |
| Project Template (PT)           | HLA-C_3100PDP6_mise 4_5lib  | PT Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST |                               |                             |
| PT Modification Date            | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT | Reference Data Group (RDG) | HLA-C_Exon2-4_noNT          |                               |                             |
| RDG Creation Date               | 03 Dec 2002 at 16:02:45 PDT | RDG Modification Date      | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |                               |                             |
| Specimens in Report: A1, A2, A3 |                             |                            |                             |                               |                             |
| Library                         |                             |                            |                             |                               |                             |
| Library #                       | Alleles                     | Length                     | Haplotype                   | Polymorphic %                 | Comments                    |
| HLA-C_ex2-4_v 48                | 822                         | yes                        | 10.0                        | 16 May 2002 at 17:23:53 PDT   | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |
| Some HLA-C alleles              |                             |                            |                             |                               |                             |
| Specimen Results                |                             |                            |                             |                               |                             |
| Specimen                        | Perfect Match               | Crucial Positions          | Constant Position Errors    | Comments                      |                             |
| A1                              | yes                         | 9                          | 0                           |                               |                             |
| A2                              | yes                         | 1                          | 0                           |                               |                             |
| A3                              | yes                         | 6                          | 0                           |                               |                             |
| Hit List                        |                             |                            |                             |                               |                             |
| Specimen                        | Library Sequence            | Score                      | Mismatches in Constant Pos  | Mismatches in Polymorphic Pos | Total Mismatches            |
| A1                              | Cw*120222/Cw*0102           | 98.0                       | 0                           | 0                             | 0                           |
| A1                              | Cw*12021/Cw*0102            | 97.0                       | 0                           | 1                             | 1                           |
| A1                              | Cw*102/Cw*1301              | 96.0                       | 0                           | 2                             | 2                           |
| A1                              | Cw*0102/Cw*1203             | 94.0                       | 0                           | 4                             | 4                           |
| A1                              | Cw*0102/Cw*12042            | 92.0                       | 0                           | 6                             | 6                           |
| A2                              | Cw*02022/Cw*07012           | 98.0                       | 0                           | 0                             | 0                           |
| Constant Position Errors        |                             |                            |                             |                               |                             |
| Specimen                        | ROI                         | Position                   | Specimen base               | Library base                  |                             |
| No Data                         |                             |                            |                             |                               |                             |

図 7-9 Library Search レポート

# RDG レポート

このレポートは、3つのテーブルで構成されています。

表 7-13 RDG レポートの項目

| テーブル    | 説明                                         |
|---------|--------------------------------------------|
| Summary | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンが表示されます。        |
| Layers  | RDG に定義されているプロジェクトの各レイヤについて、情報のサマリが表示されます。 |
| ROIs    | RDG に定義されている各 ROI について、情報のサマリが表示されます。      |

HLA-C\_v2 - Report Manager

Reports

- Analysis QC Report
- Mutations Report
- AA Variants Report
- Specimen Statistics Report
- Base Frequency Report
- Library Search Report
- RDG Report**
- Audit Trail Report
- Genotyping Report

Summary

|                       |                             |                            |                             |
|-----------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| Active Layer          | HLA-C_CDS                   | Project                    | HLA-C_v2                    |
| Project Creation Date | 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST | Project Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT |
| Project Template (PT) | HLA-C_3100PDPE_mixe4_5lib   | PT Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST |
| PT Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT | Reference Data Group (RDG) | HLA-C_Exon2-4_noNT          |
| RDG Creation Date     | 03 Dec 2002 at 22:59:40 PST | RDG Modification Date      | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT |
| Display Settings (DS) | TutorialDisplaySettings     | DS Creation Date           | 26 Nov 2002 at 23:37:59 PST |

Specimens in Report

A1, A2, A3

Layers

| Layer | Name      | Library       | Translation Frame | Index Codon Number | Orientation | Number of ROIs |
|-------|-----------|---------------|-------------------|--------------------|-------------|----------------|
| 1     | Layer 1   | -             | 1                 | 1                  | Forward     | 2              |
| 2     | HLA-C_CDS | HLA-C_v2-4_v2 | 3                 | 1                  | Forward     | 3              |

ROIs

| ROI           | Parent ROI | Start Position | Stop Position | ROI Index | ROI Length | Translation | On Layers |
|---------------|------------|----------------|---------------|-----------|------------|-------------|-----------|
| AF250557      | AF250557   | 1              | 792           | 1         | 792        | yes         | 1         |
| HLA-C_exon2   | AF250557   | 1              | 270           | 1         | 270        | yes         | 2         |
| HLA-C_gene    | AF250557   | 1              | 792           | 1         | 792        | yes         |           |
| HLA-C_intron2 | AF250557   | 271            | 516           | 1         | 246        | no          |           |
| HLA-C_exon3   | AF250557   | 517            | 792           | 1         | 276        | yes         | 2         |
| HLA-C_exon4   | HSA277102  | 1              | 276           | 1         | 276        | yes         | 2         |
| HLA-C_gene_1  | HSA277102  | 1              | 276           | 1         | 276        | yes         |           |
| HSA277102     | HSA277102  | 1              | 276           | 1         | 276        | yes         | 1         |

Report Settings...

図 7-10 RDG レポート

# Audit Trail レポート

このレポートは、2つのテーブルで構成されています。

表 7-14 Audit Trail レポートの項目

| テーブル        | 説明                                                     |
|-------------|--------------------------------------------------------|
| Summary     | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンおよびサンプルが表示されます。             |
| Audit Trail | オーディット トレール機能がオンの場合、プロジェクトのデータに対する編集および変更のレコードが表示されます。 |

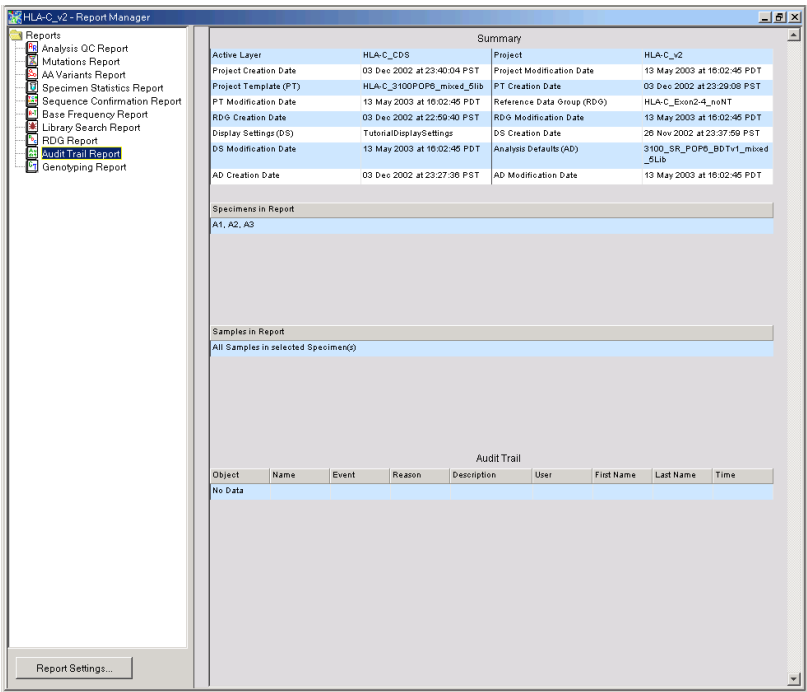


図 7-11 Audit Trail レポート

# Genotyping レポート

Genotyping レポートは、5つのテーブルで構成されています。

表 7-15 Genotyping レポートの項目

| テーブル                | 説明                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|---------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Summary             | プロジェクト情報とレポートの対象になっているスペシメンおよびサンプルが表示されます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Specimens_in_Report | レポートに含まれるスペシメンのリストが表示されます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Gene Summary        | これらのフィールドは、現時点では使用されていません。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Transcript Table    | <p>対象のアンプリコンの配置が表示されます。RDG 内のすべてのトランスクリプトと付随するアンプリコンのリストが表示されます。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• <b>Layer:</b> レポートの対象となっているトランスクリプトの名前</li><li>• <b>Amplicon_ID:</b> このトランスクリプトのアンプリコンのアイデンティティ（各トランスクリプトについて、アンプリコンの行が多数存在します）</li><li>• <b>Assay_Target_Start:</b> リファレンス セグメント座標で示されたアンプリコンのアッセイ領域の開始位置</li><li>• <b>Assay_Target_Length:</b> 設計されたアッセイ領域の長さ</li><li>• <b>5'_Regulatory_Length:</b> 5' 制御領域をカバーしているアンプリコンシーケンスの量</li><li>• <b>Exon_Length:</b> このトランスクリプトのエクソン領域をカバーしているアンプリコンシーケンスの量</li><li>• <b>Intron_Length:</b> このトランスクリプトのイントロン領域をカバーしているアンプリコンシーケンスの量</li></ul> |

表 7-15 Genotyping レポートの項目

| テーブル                  | 説明                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|-----------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Resequencing Coverage | <p>アクティブなレイヤについて、スペシメンの被覆の統計情報が表示されます。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Specimen: レポートの対象となっているスペシメンの名前</li> <li>FGR Coverage: 完全な遺伝子領域のカバレッジ。スペシメン コンセンサス シーケンスのうち、対象の領域を完全にカバーしている割合</li> <li>FGR Avg QV: 対象領域全体でのコンセンサス シーケンスの平均 Quality Values</li> <li>FGR Fwd Coverage: フォワード リードから作成されたスペシメン コンセンサス シーケンスによる対象領域のカバーしている割合</li> <li>FGR Rev Coverage: リバース リードから作成されたスペシメン コンセンサス シーケンスによる対象領域のカバーしている割合</li> <li>5' Reg Coverage: 5' 制御領域のカバレッジ。スペシメン コンセンサス シーケンスのうち、5' 制御領域をカバーしている割合</li> <li>5' Reg Coverage Avg QV: 5' 領域におけるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Values</li> <li>5' Reg Fwd Coverage: フォワード リードにより 5' 領域で作成されたスペシメン コンセンサス シーケンスによる対象領域のカバーしている割合</li> <li>5' Reg Rev Coverage: リバース リードにより 5' 領域で作成されたスペシメン コンセンサス シーケンスによる対象領域のカバーしている割合</li> <li>Exon Coverage: エクソンでの特定遺伝子のカバレッジ</li> <li>Exon Avg QV: エクソン領域におけるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Values</li> <li>Exon Fwd Coverage: フォワード リードのエクソン領域におけるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Values</li> <li>Exon Rev Coverage: リバース リードのエクソン領域におけるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Values</li> <li>Intron Coverage: インترونでの特定遺伝子のカバレッジ</li> <li>Intron Avg QV: インترون領域におけるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Values</li> <li>Intron Fwd Coverage: フォワード リードのエクソン領域におけるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Values</li> <li>Intron Rev Coverage: リバース リードのイントロン領域におけるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Values</li> </ul> |
| Genotyping Table      | <p>リファレンス内で選択した位置にあるすべてのスペシメンのジェノタイプが表示されます。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

pparg3700 - Report Manager

Reports

- Analysis QC Report
- Mutations Report
- AA Variants Report
- Specimen Statistics Report
- Sequence Confirmation Report
- Base Frequency Report
- Library Search Report
- RDG Report
- Audit Trail Report
- Genotyping Report**

Report Settings...

Genotype Settings...

### Summary

|                       |                             |                            |                             |
|-----------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| Active Layer          | hCT1951704                  | Project                    | pparg3700                   |
| Project Creation Date | 04 Oct 2002 at 14:06:55 PDT | Project Modification Date  | 04 Oct 2002 at 14:41:14 PDT |
| Project Template (PT) | PPARG-3700                  | PT Creation Date           | 04 Oct 2002 at 14:06:41 PDT |
| PT Modification Date  | 04 Oct 2002 at 14:41:14 PDT | Reference Data Group (RDG) | PPARG                       |

Specimens in Report

4X0033, NA00131, NA00333, NA00546, NA00607, NA00893, NA00946, NA01805, NA01814, NA01953, NA01954, NA01990, NA02254, NA05920, NA08587, NA09947, NA10924, NA10959, NA12593, NA14439, NA14448, NA14454, NA14464, NA14474, NA14476, NA14480, NA14501, NA14503, NA14508, NA14511, NA14529, NA14532, NA14535, NA14548, NA14632, NA14649, NA14661, NA14663, NA14665, NA14672

### Gene Summary

|                  |  |                  |  |
|------------------|--|------------------|--|
| Gene Symbol      |  | Gene Name        |  |
| Gene Part Number |  | Gene ID          |  |
| Gene Aliases     |  | Chromosome       |  |
| Cytogenetic Band |  | Genomic Location |  |

### Transcript Table

| Layer   | Amplicon ID | Assay Target Start | Assay Target Length | 5' Regulatory Length | Exon Length | Intron Length |
|---------|-------------|--------------------|---------------------|----------------------|-------------|---------------|
| No Data |             |                    |                     |                      |             |               |

### Resequencing Coverage

| Specimen | FGR Cov. | FGR Avg QV | FGR Fwd Cov. | FGR Rev Cov. | 5' Reg Cov. | 5' Reg Avg QV | 5' Reg Fwd Cov. | 5' Reg Rev Cov. | Exon Cov. | Exon Avg QV | Exon Fwd Cov. | Exon Rev Cov. | Intron Cov. | Intron Avg QV | Intron Fwd Cov. | Intron Rev Cov. |
|----------|----------|------------|--------------|--------------|-------------|---------------|-----------------|-----------------|-----------|-------------|---------------|---------------|-------------|---------------|-----------------|-----------------|
| 4X0033   | 100.0    | 40.2       | 100.0        | 98.6         | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             | 100.0     | 40.2        | 100.0         | 98.6          | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             |
| NA00131  | 74.3     | 39.0       | 74.3         | 66.2         | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             | 74.3      | 39.0        | 74.3          | 66.2          | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             |
| NA00333  | 100.0    | 40.4       | 100.0        | 100.0        | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             | 100.0     | 40.4        | 100.0         | 100.0         | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             |

図 7-12 Genotyping レポート

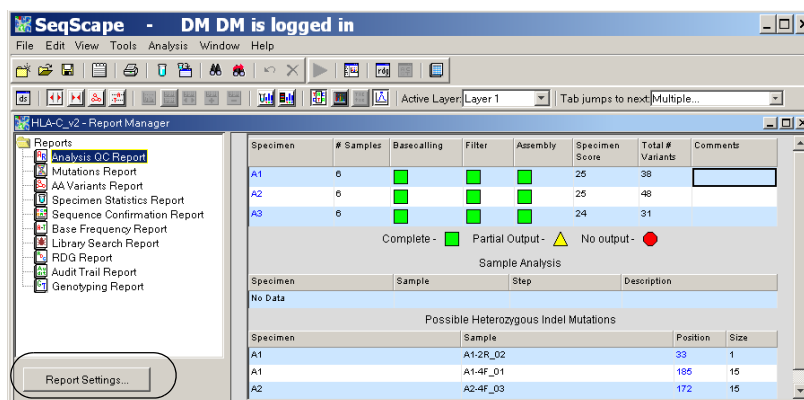
## レポートのカスタマイズ

### テキストの設定の カスタマイズ

テキストをカスタマイズし、アミノ酸バリエーションを選択することができます。

レポートの設定をカスタマイズするには

1. 「Report Manager」ウィンドウの「Report Settings」ボタンをクリックします。



「Report Settings」ダイアログ ボックスが開き、「Report Display Settings」タブが表示されます。

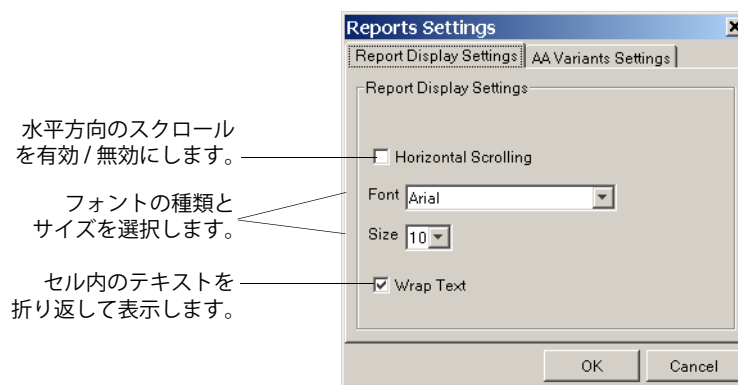


図 7-13 「Report Settings」ダイアログ ボックスの「Report Display Settings」タブ

2. 「Horizontal Scrolling」チェック ボックスを選択 / 選択解除します。デフォルトではオフになっています。
3. 適切なドロップダウン リストでフォントの種類とサイズを選択します。デフォルトのフォントとサイズは「Arial 10」です。



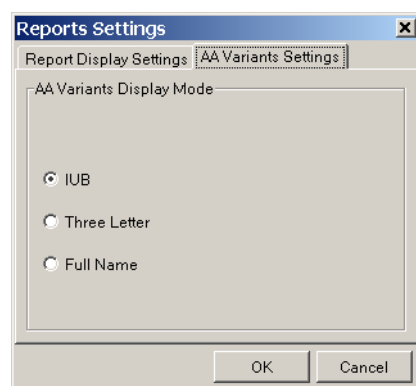
4. 「Wrap Text」を選択 / 選択解除します。折り返されたテキストと折り返されていないテキストの例を図 7-14 に示します。

| Specimen | Sample   | Step     | Description                                                  |                   |
|----------|----------|----------|--------------------------------------------------------------|-------------------|
| A3       | A3-4F_05 | Filter   | Exceeded maximum mixed base                                  | 折り返されて<br>いないテキスト |
| A3       | A3-4F_05 | Assembly | Incomplete results presented from                            |                   |
| Specimen | Sample   | Step     | Description                                                  |                   |
| A3       | A3-4F_05 | Filter   | Exceeded maximum mixed base<br>percentage (45.901638%>35.0%) | 折り返された<br>テキスト    |
| A3       | A3-4F_05 | Assembly | Incomplete results presented from<br>previous stage          |                   |

図 7-14 折り返されていないテキストと折り返されたテキストの例

#### AA バリエーションの表示を設定するには

1. 「AA Variants Settings」タブをクリックします。

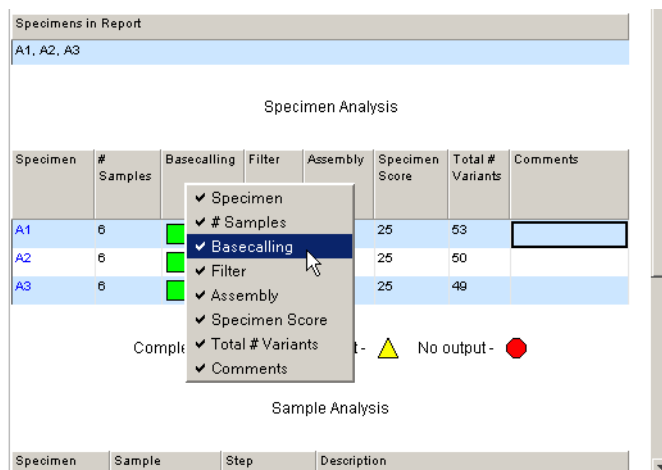


2. 表示モードを選択し、「OK」をクリックします。

## データ ビューの カスタマイズ

レポートに表示された情報をカスタマイズするには

1. テーブルの任意のカラム ヘディングを右クリックします。テーブル内のカラム ヘディングのリストが表示されます。



2. カラムを非表示にするには、カラム ヘディングを選択解除します。
3. 手順 1 と 2 を繰り返して、他のヘディングも選択解除します。
4. カラムを再表示するには、任意のカラム ヘディングを右クリックし、カラム ヘディングを選択します。
5. テーブルの「Sample Details」または「Errors」カラムのデータを A から Z、または Z から A にソートするには、カラム ヘディングをダブルクリックします。再度ダブルクリックすると、逆方向にソートされます。
6. テーブルのヘッダおよびフッタ情報をカスタマイズするには、9-10 ページの「ヘッダおよびフッタ 表示のカスタマイズ」を参照してください。

# データの再解析と編集

---

この章では、次の項目について説明します。

|                                     |      |
|-------------------------------------|------|
| この章のワークフロー .....                    | 8-2  |
| 解析パラメータについて .....                   | 8-3  |
| Sample Manager での解析パラメータの変更 .....   | 8-5  |
| Analysis Protocol の解析パラメータの変更 ..... | 8-6  |
| データの編集 .....                        | 8-9  |
| サンプルまたはコンセンサス シーケンスの編集 .....        | 8-10 |
| Clear Range の調整 .....               | 8-12 |
| バリエーションの編集 .....                    | 8-15 |
| ジェノタイプの追加 .....                     | 8-17 |

## この章のワークフロー

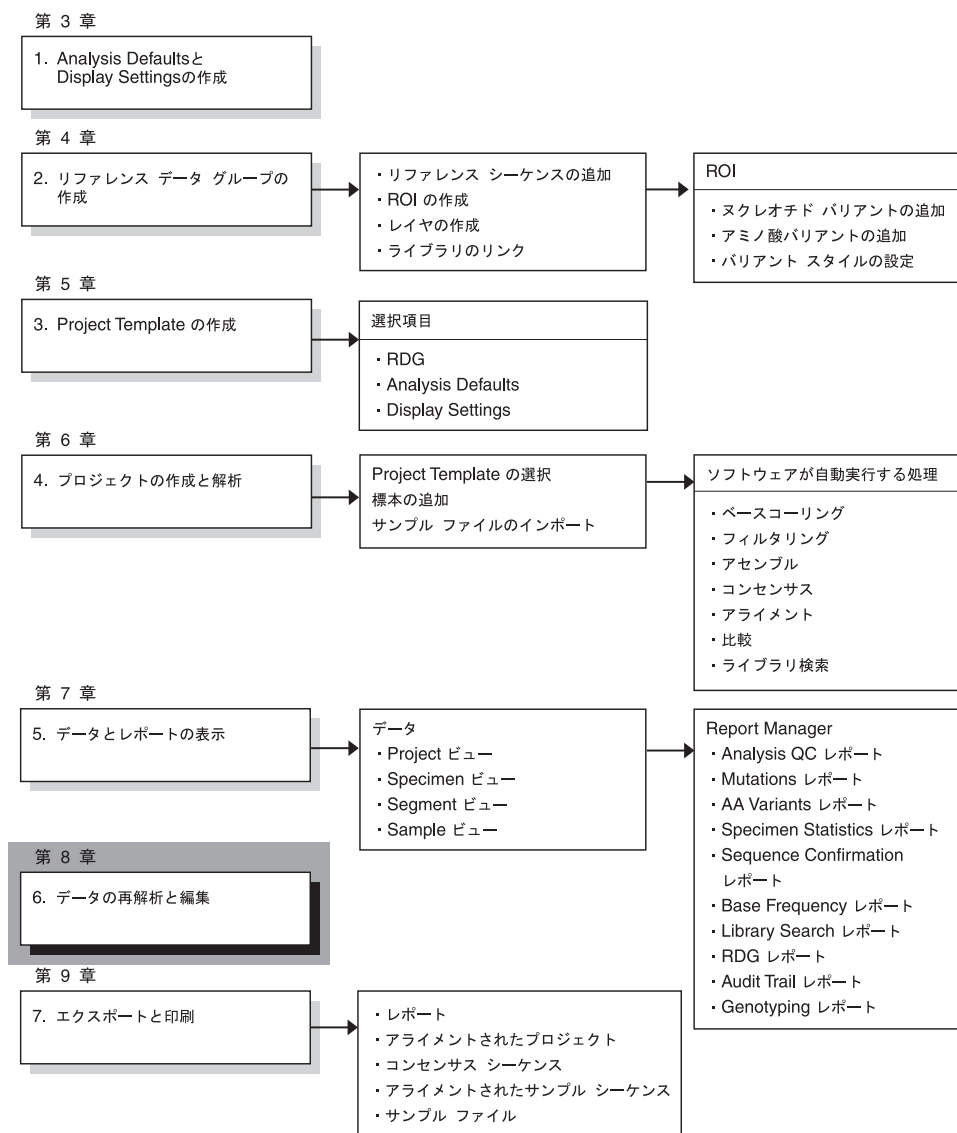


図 8-1 データの再解析および編集手順

## 解析パラメータについて

**はじめに** 各サンプル ファイルに関連付けられた解析パラメータ (Basecaller および DyeSet/Primer ファイル) は、サンプル ファイルの解析時に使用されます。

十分なプロジェクト結果が得られなかった場合に、特定の Analysis Settings を変更して影響を受けるサンプルに新しい設定を適用し、結果を修正または改善できる場合があります。

ベースコーリングに影響する一般的なエラーには、次のものがあります。

- 誤った Stop Point が選択されている
- Spacing が不適切
- データの品質が低い
- ベースコーリングに使用された Basecaller や DyeSet/Primer が間違っている
- ソフトウェアによって計算された Peak 1 Location と Start Point が間違っている

**注:** 新規の Peak 1 Location と Start Point および Stop Point の位置を定義する手順については、『ABI PRISM® DNA Sequencing Analysis ソフトウェア ユーザ ガイド』を参照してください。

### Sample Manager での解析パラメータの 表示

Sample Manager を使用して、サンプル ファイルと、Basecaller や DyeSet/Primer ファイルなど現在の解析情報を表示することができます (8-3 ページの図 8-2 を参照してください)。解析パラメータは、修正してサンプルに適用することができます。Sample Manager では、これらの変更を 1 つのサンプル、複数のサンプル、またはすべてのサンプルに適用できます。

| 解析パラメータ          |          |             |                       |                      |         | アセンブリ ステータス |       |      |           |
|------------------|----------|-------------|-----------------------|----------------------|---------|-------------|-------|------|-----------|
| Sample File Name | Specimen | Sample Name | BaseCaller            | DyeSet/Primer        | Spacing | Peak 1      | Start | Stop | Assembled |
| A1-2F_01         | A1       | A1-2F_01    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.84   | 946         | 946   | 6140 | ■         |
| A1-2R_02         | A1       | A1-2R_02    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.63   | 629         | 629   | 5918 | ■         |
| A1-3R_02         | A1       | A1-3R_02    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.22   | 534         | 534   | 5543 | ■         |
| A1-3F_01         | A1       | A1-3F_01    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.22   | 566         | 566   | 5595 | ■         |
| A1-4R_02         | A1       | A1-4R_02    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.42   | 744         | 744   | 5793 | ■         |
| A1-4F_01         | A1       | A1-4F_01    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.22   | 847         | 847   | 5844 | ■         |
| A2-2R_04         | A2       | A2-2R_04    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.63   | 314         | 314   | 5451 | ■         |
| A2-2F_03         | A2       | A2-2F_03    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.42   | 313         | 313   | 5522 | ■         |
| A2-3R_04         | A2       | A2-3R_04    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.22   | 535         | 535   | 5519 | ■         |
| A2-3F_03         | A2       | A2-3F_03    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.03   | 540         | 540   | 5450 | ■         |
| A2-4R_04         | A2       | A2-4R_04    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.42   | 746         | 746   | 5787 | ■         |
| A2-4F_03         | A2       | A2-4F_03    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.22   | 852         | 852   | 5741 | ■         |
| A3-4F_05         | A3       | A3-4F_05    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.22   | 841         | 841   | 5797 | ●         |
| A2-2R_06         | A2       | A2-2R_06    | Basecaller-3100POP... | DT3100POP6(BD)v2.... | 14.63   | 315         | 315   | 5451 | ■         |

図 8-2 Sample Manager のサンプル ファイル

「Sample Manager」ウィンドウには、次の情報が表示されます。

表 8-1 Sample Manager の情報

| カラム ヘッダ          | 説明                                                                                                                                                            |
|------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Sample File Name | プレート レコードおよびプロジェクトから抽出された情報。Sample Manager で変更することはできません。                                                                                                     |
| Specimen         | プレート レコードおよびプロジェクトから抽出された情報。Sample Manager で変更することはできません。                                                                                                     |
| Sample Name      | プレート レコードから抽出されたサンプル名。変更できます。                                                                                                                                 |
| Basecaller       | 塩基の読取りに使用されるアルゴリズム。変更できます。                                                                                                                                    |
| DyeSet/Primer    | DyeSet/Primer ファイルは、使用されたケミストリに応じて、モビリティ シフトと色コードの変更を補正します。<br><br>DyeSet/Primer ファイルは、モビリティ ファイルまたは .mob ファイルと呼ばれることがあります。モビリティ ファイルの拡張子は、常に .mob です。変更できます。 |
| Spacing          | 1 つのピークの頂点から次のピークの頂点までのスキャン ポイントの数。ベースコーリングの間、Spacing の換算カーブがデータに適用され、Spacing の値が決定されます。                                                                      |
| Peak 1           | サンプルから得られた、ダイ プライマー ケミストリのプライマー ピークを除く最初のデータ ポイント。このデータ ポイントは、ベースコーリング ソフトウェアが Spacing とモビリティを修正する際にリファレンス ポイントとして使用されます。                                     |
| Start            | サンプル ファイルでベースコーリングが開始される Raw Data ポイント。通常、開始ポイントは、最初の塩基のピークの開始点と同じになります。                                                                                      |
| Stop             | ベースコーリングに含める最後の Raw Data ポイントを指定します。デフォルトの開始ポイントを使用した場合、この終了ポイントがファイルの最後のデータ ポイントになります。                                                                       |
| Assembled        | サンプルのアセンブリ ステータスが表示されます。緑のボックスはアセンブル済みであることを示し、赤の円はアセンブルされていないことを示します。                                                                                        |

# Sample Manager での解析パラメータの変更

## Sample Manager へのサンプルの追加

Sample Manager にサンプルを追加するには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. 「Active Layer」ドロップダウン リストからレイヤを選択します。
3. ナビゲーション ペインで次の操作を実行します。

| 追加するサンプル         | 選択する内容        |
|------------------|---------------|
| プロジェクト内のすべてのサンプル | 「Project」アイコン |
| スペシメン内のすべてのサンプル  | スペシメン         |
| セグメント内の選択されたサンプル | セグメント         |
| 選択されたサンプル        | サンプル*         |

\* 連続したサンプルを選択するには [Shift] キーを使用します。  
連続していないサンプルを選択するには [Ctrl] キーを使用します。

4. 「Analysis」 > 「Sample Manager」を選択します。  
選択したファイルが Sample Manager に表示されます。

## Basecaller および DyeSet/Primer ファイルの変更

注：付録 B に掲載されている Basecaller と DyeSet/Primer の表を使用して、ファイルを正しく組み合わせて選択してください。

Basecaller や DyeSet/Primer ファイルを変更するには

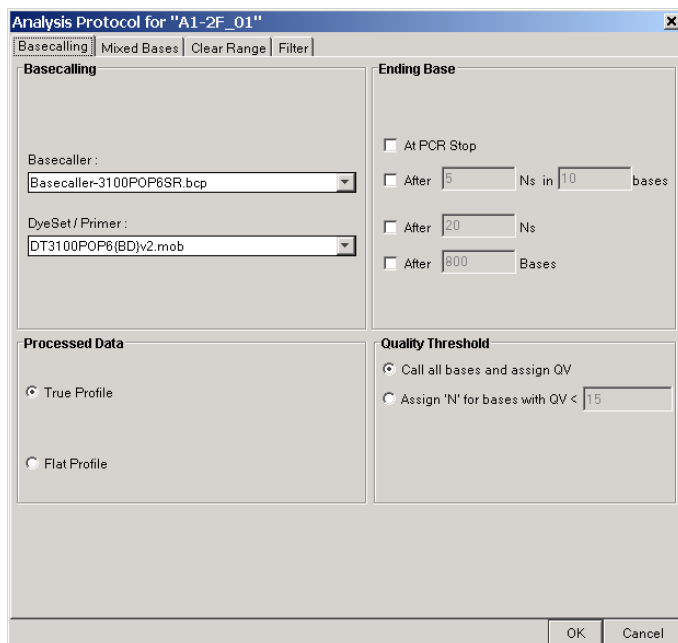
1. Sample Manager で、変更するサンプルを選択します。
2. 「Basecaller」ドロップダウン リストから新規の Basecaller を選択します。
3. 「DyeSet/Primer」ドロップダウン リストから新規の DyeSet/Primer ファイルを選択します。
4. 複数のサンプルを変更するには、「Fill Down」機能を使用します。
5. 「Apply」をクリックします。
6. 「OK」をクリックします。
7.  をクリックします。

## Analysis Protocol の解析パラメータの変更

### Analysis Protocol の編集

Analysis Protocol を編集するには

1. Sample Manager にサンプルを追加します（8-5 ページの「Sample Manager へのサンプルの追加」を参照してください）。
2. 「Sample Manager」ウィンドウで、「Edit Analysis Protocol」をクリックします。



3. 「Basecalling」タブで、次の操作を実行します。
  - a. 「Basecalling」グループで、ドロップダウン リストから適切な Basecaller および DyeSet/Primer ファイルを選択します。
  - b. 「Editing Base」グループで、データ解析に使用する 1 つ以上の終了ポイントを選択します（オプション）。
  - c. 「Processed Data」グループで、次のいずれかを選択します。
 

**True Profile** - 最も強いシグナル領域を平均ピーク高（たとえば 1000）にほぼ一致するようにスケールを固定します。ピークのプロファイルは Raw Data に近似します。

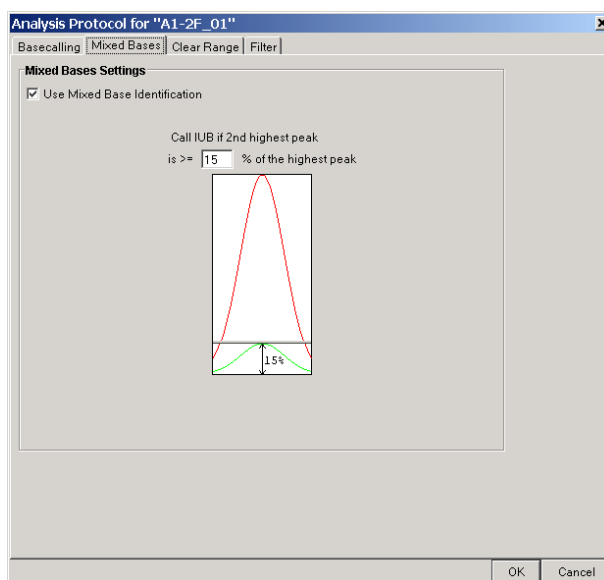
**Flat Profile** - 解析データの表示スケールは部分的に調整しデータを表示するので、部分領域の平均ピーク高（たとえば 1000）にほぼ一致するようにスケールを固定します。ピークのプロファイルはデータの間領域では（約 40 塩基以上）均一になります。
  - d. 「Quality Threshold」グループで、次のいずれかを選択します。
 

**Call all bases and assign QV** - KB Basecaller は、すべての塩基を読み取り、QV を割り当てます。

**Assign 'N' for bases with QV < x** - KB Basecaller は、QV が入力値より小さいすべての塩基に対して N を読み取ります。

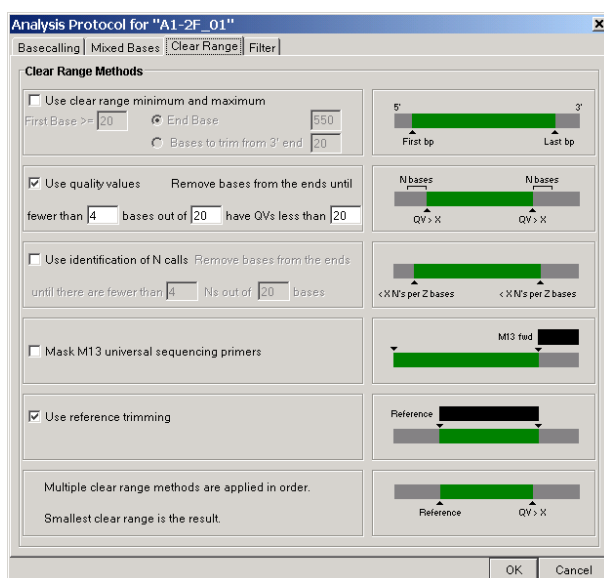


## 4. 「Mixed Bases」タブを選択します。



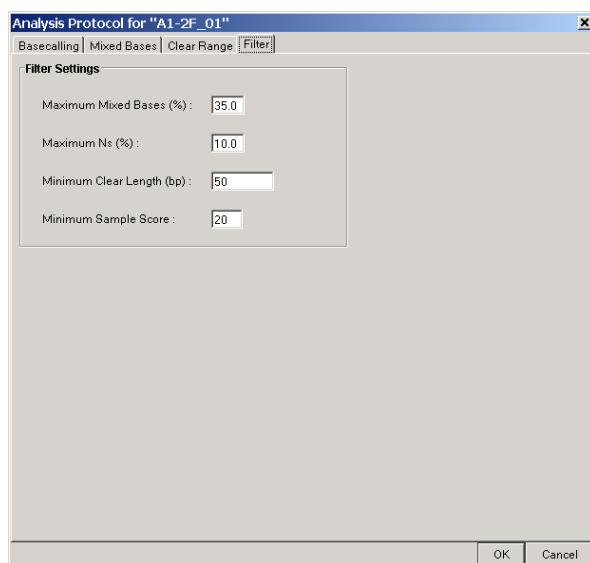
- 必要に応じて、「Use Mixed Base Identification」を選択します。
- デフォルトの検出レベル 25% を使用しない場合、新規の値を入力するか、% ラインを上下にドラッグして値を変更します。

## 5. 「ClearRange」タブを選択します。



- 必要に応じて、データ解析の終了ポイントを 1 つまたは複数選択します。
- 必要に応じて、Clear Range から M13 プライマーをマスクするよう選択します。
- 「Use reference trimming」を選択します。

6. 「Filter」タブを選択します。



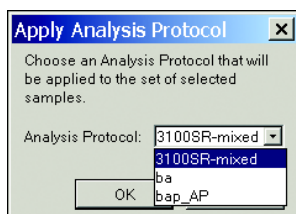
「Filter Settings」に値を指定します。

7. 「OK」をクリックしてプロトコルを保存し、「Analysis Protocol」ダイアログボックスを閉じます。

## Analysis Protocol の適用

Analysis Protocol を適用するには

1. Sample Manager で、新規の設定を適用するサンプルを選択します。
2. 「Apply Analysis Protocol」をクリックします。



3. 「Analysis Protocol」ドロップダウン リストからプロトコルを選択します。
4. 「OK」をクリックします。

Spacing、Peak 1 Location、Start Point および Stop Point が 0 になります。

5. 「Apply」をクリックします。

「Assembled」インジケータが緑（アセンブル済み）から赤（アセンブルされていない）に変わり、「Analysis」ボタンがアクティブになります。

6.  をクリックします。

## データの編集

### シーケンスの編集について

シーケンスの編集は、次の方法で行うことができます。

- Clear Range を調整します。
- サンプルの塩基を追加、削除、または変更します。
- サンプルのスペースを追加または削除します。
- スペシメン コンセンサスの塩基を追加、削除、または変更します。
- スペシメン コンセンサスのスペースを追加または削除します。
- リファレンスのスペースを追加または削除します。

シーケンスの編集はプロジェクト内で行えます。変更内容は、即座にコンセンサス シーケンスに反映されます。また、コンセンサス シーケンスを編集することもできます。この場合、すべてのサンプルにコンセンサスの編集内容が反映されます。コンセンサス シーケンスの編集は、Specimen ビューまたは Project ビューでデータを表示しているときに行えます。

**注：** 編集後のベース変更または挿入は小文字で表示されるため、編集されていない塩基と区別することができます。小文字による表示は、ユーザによる編集およびコンセンサスコアによる編集に適用されます。QV を持つ塩基の編集に関する詳細については、10-9 ページの「Quality Value を持つ塩基の編集」を参照してください。

### データを編集する場合

解析の完了後に作成するアナリシス レポートの結果に応じて、次のような操作を行いたい場合があります。

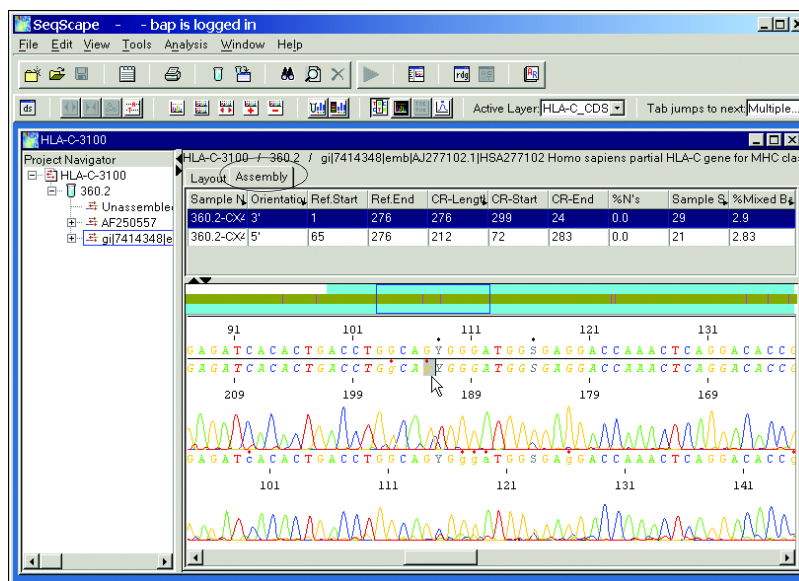
- サンプルの Clear Range を調整する（8-12 ページの「Clear Range の調整」を参照）
- サンプルまたはスペシメン内の塩基またはスペースを編集する（8-10 ページの「サンプルまたはコンセンサス シーケンスの編集」を参照）

## サンプルまたはコンセンサス シーケンスの編集

### Segment ビューでの コンセンサス シーケンスの編集

Specimen ビューで塩基を挿入、削除、変更するには

1. 「Project」ウィンドウのナビゲーション ペインで「Segment」アイコンを選択します。  
「Project Document」ウィンドウで Specimen ビューが開きます。



2. 「Assembly」タブを選択し、「Active Layer」ドロップダウン リストからレイヤを選択します。
3. コンセンサスの塩基を変更または削除するには、編集する塩基をクリックして削除または変更します。
4. コンセンサス シーケンスに塩基を挿入するには、2 つの塩基の間をクリックし、塩基を挿入します。

注：変更後の塩基は、小文字で表示されます。

注：監査（Audit）機能が有効になっている場合、各ベース変更、ベース挿入、ベース削除の理由（Reason）を入力する必要があります。

### サンプルの塩基の編集

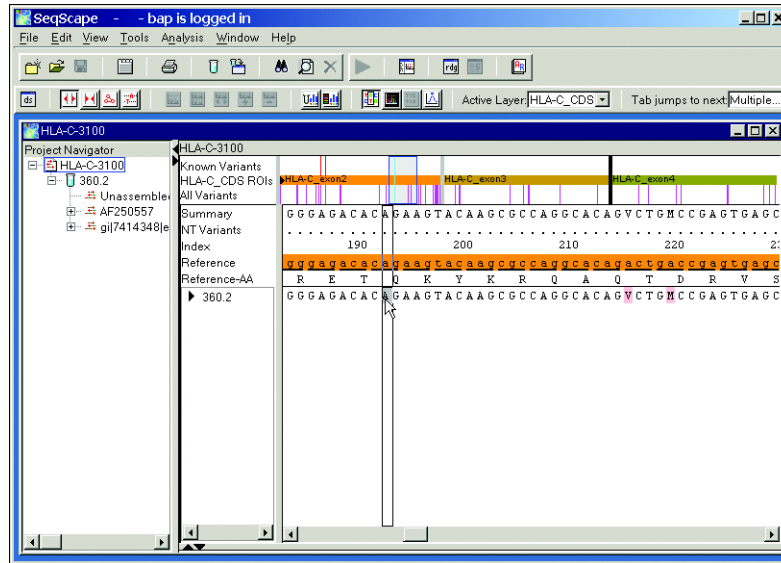
サンプルの塩基は、コンセンサスの塩基と同じ方法で編集することができます。ただし、変更内容は、塩基を編集したサンプルとそのコンセンサス シーケンスにのみ反映されます。

## Project ビューでの コンセンサス シーケンスの編集

注：すべての変更内容は、スペシメン内のサンプル シーケンスとサマリに反映されます。

### Project ビューで塩基を挿入、削除、変更するには

1. 「Project」ウィンドウのナビゲーション ペインで対象のプロジェクトを選択します。  
Project ビューが開き、各スペシメンのコンセンサス シーケンスが表示されます。



2. コンセンサスの塩基を変更または削除するには、編集する塩基をクリックして削除または変更します。
3. コンセンサス シーケンスに塩基を挿入するには、2 つの塩基の間をクリックし、塩基を挿入します。

注：変更後の塩基は、小文字で表示されます。

4. スペースを削除するには、スペースをクリックして選択し、[Delete] キーを押します。
5. スペースを挿入するには、スペースの挿入位置をクリックし、[-] キーまたはスペース バーを押します。

注：監査（Audit）機能が有効になっている場合、各ベース変更、ベース挿入、ベース削除の理由（Reason）を入力する必要があります。

## Clear Range の調整

### Clear Range について

通常、サンプル データには、データの最初または最後に読み取ることのできないシーケンスや無効なシーケンスが含まれています。このようなデータが含まれていると、アライメントでエラーが発生し、バリエーションが正しく検出されません。

Clear Range は、最もエラーの少ない連続したシーケンスの領域です。SeqScape ソフトウェアでは、サンプルの「Analysis Settings」の設定に基づいて、解析中にすべてのサンプルに自動的に Clear Range が設定されます。Clear Range は、サンプルごとに修正可能です。

**重要！**「Analysis Settings」で「Use Reference Trimming」を選択しない場合、必要に応じてリファレンスの 5' までの 5' 末端、または 3' までの 3' 末端にあるサンプル データをすべて除外して、手動で Clear Range を設定する必要があります。リファレンス外にあるサンプル データはアライメントされません。

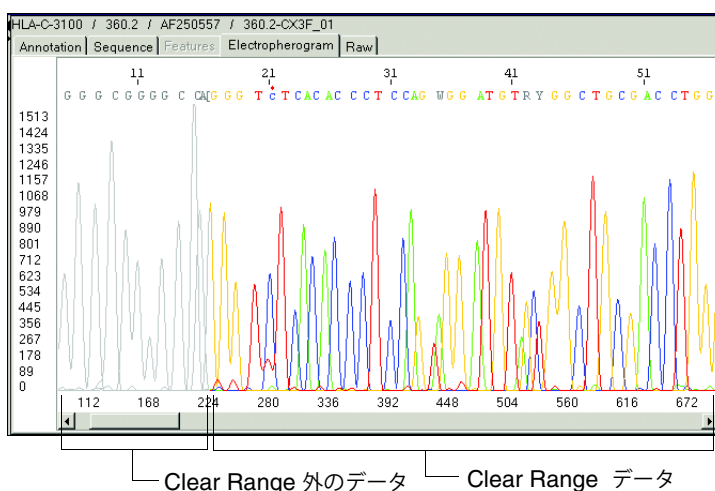


図 8-3 Clear Range データ

Clear Range の変更後、自動的にスペシメンがアセンブルされ、リファレンスに対するアライメントと比較が再度行われます。

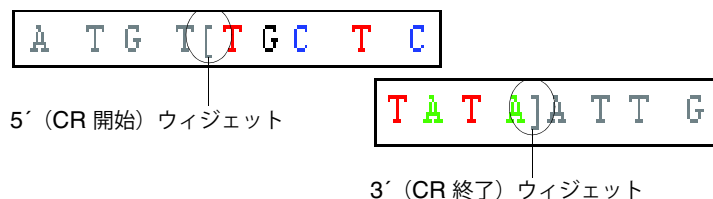
Clear Range の変更は、次の 3 つの手法で行うことができます。

- Clear Range ウィジェット
- マウス
- 「Set Clear Range」ダイアログ ボックス

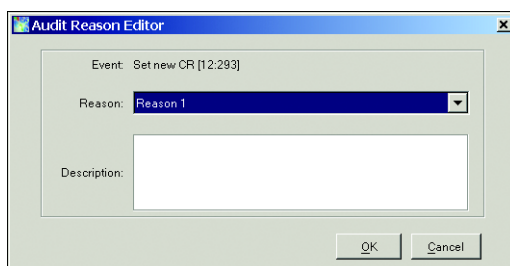
## Clear Range ウィジェットの使用

Clear Range ウィジェットを使用して Clear Range を調整するには

1. プロジェクトからサンプルを開きます。
2. 「Electropherogram」タブを選択します。
3. 5' (CR 開始) または 3' (CR 終了) ウィジェットを選択します。  
選択したウィジェットは、灰色から黒に変わります。



4. ウィジェットを塩基に沿って希望位置まで左右にドラッグし、カーソルを放します。
5. 監査 (Audit) 機能が有効になっている場合、Audit Reason Editor が開きます。

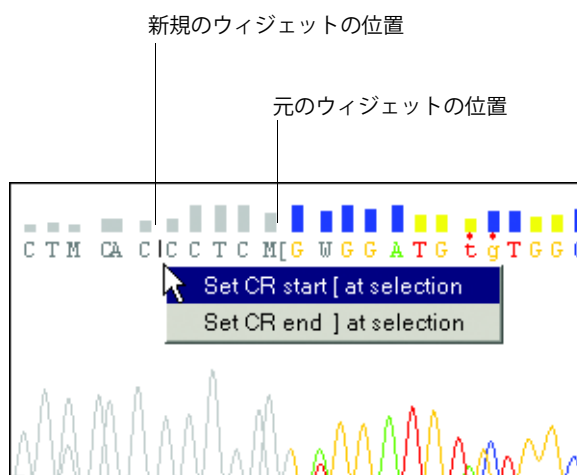


6. 「Audit Reason Editor」ダイアログ ボックスを完成させ、「OK」をクリックします。  
新規の Clear Range が表示されます。
7. このプロセスを繰り返し、新規の Clear Range の反対側を定義します。

## マウスの使用

マウスを使用して Clear Range を調整するには

1. プロジェクトからサンプルを開きます。
2. 「Electropherogram」タブを選択します。
3. 5' (CR 開始) または 3' (CR 終了) ウィジェットの移動先となる 2 つの塩基の間を右クリックします。



4. 次のいずれかを実行します。

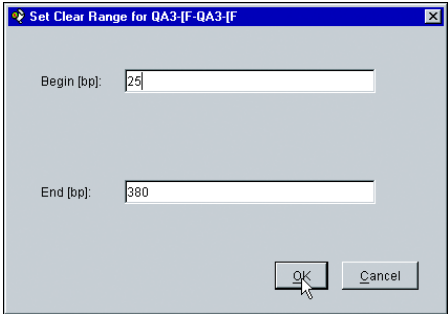
| 移動する対象      | 選択する内容                             |
|-------------|------------------------------------|
| CR 開始ウィジェット | <b>Set CR start [ at selection</b> |
| CR 終了ウィジェット | <b>Set CR end ] at selection</b>   |

5. 監査（Audit）機能が有効になっている場合、Audit Reason Editor で理由（Reason）を選択し、「OK」をクリックします。
- 新規の Clear Range が表示されます。
6. このプロセスを繰り返し、反対側の新規 CR ウィジェットの位置を定義します。

「Set Clear Range」  
ダイアログ ボックスの  
使用

このダイアログ ボックスを使用して Clear Range を調整するには

1. プロジェクトからサンプルを開きます。
2. Electropherogram ビューまたは Specimen ビューで、新規の開始および終了の塩基番号を判断します。
3. 「Tools」>「Set Clear Range」を選択します。



4. 手順 2 で判断した値を入力し、「OK」をクリックします。
  5. 監査（Audit）機能が有効になっている場合、Audit Reason Editor で理由（Reason）を選択し、「OK」をクリックします。
- 新規の Clear Range が表示されます。



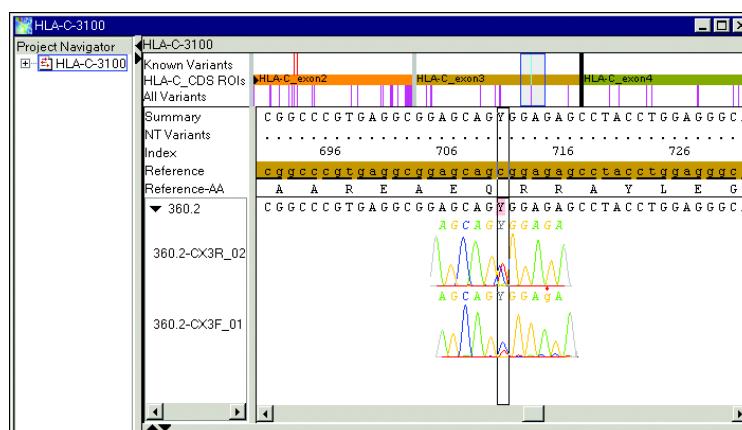
## バリエントの編集

シーケンス内のエラーを解決した後、バリエントの表示および編集を行います。バリエントを確認する手法は、次の 2 通りあります。

### 手法 1 バリエント データを表示および編集するには

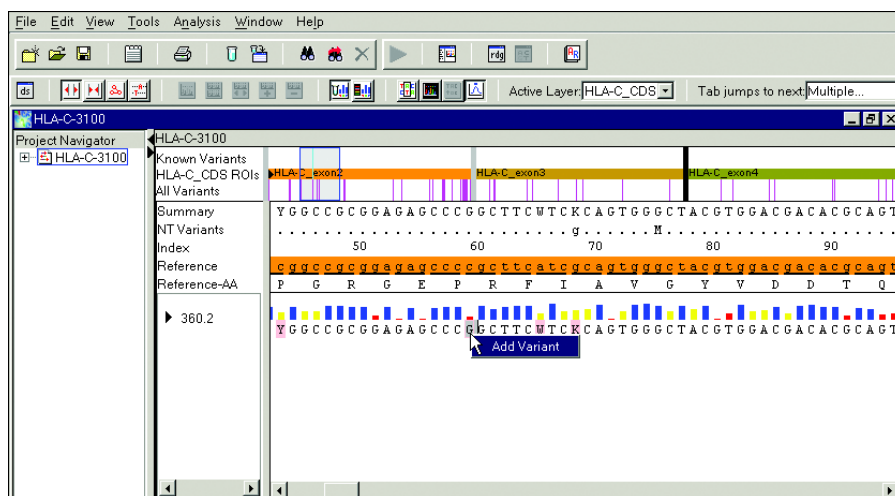
1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. サマリの塩基をクリックします。
3. スペシメン名の横に表示される三角形をクリックし、エレクトロフェログラムの抜粋を表示します。
4. スペシメン コンセンサス シーケンスまたは表示されるサンプル データの塩基またはスペースを編集します。
5. 次のバリエントに移動するには、[Tab] キーを押します。前のバリエントに移動してさらに位置を表示または編集するには、[Shift] - [Tab] キーを押します。

注：[Ctrl] + [Z] キーを押すと、抜粋が表示されていない場合でも、選択したカラムが中央に表示されます。



## 手法2 バリアント データを表示および編集するには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. 「Analysis」>「Report Manager」を選択します。
3. ナビゲーション ペインで、表示するレポートを選択します。
4. 「Window」>「Tile」を選択します。
5. Mutations 表で塩基の変更を選択し、位置を確認します。これにより、Alignment ビューがアライメントの正しい位置に調整されます。
6. 未知のバリアントを RDG に追加するには、プロジェクト アライメントのコンセンサスシーケンス内で未知のバリアントの位置を右クリックし、「Add Variant」をクリックします。

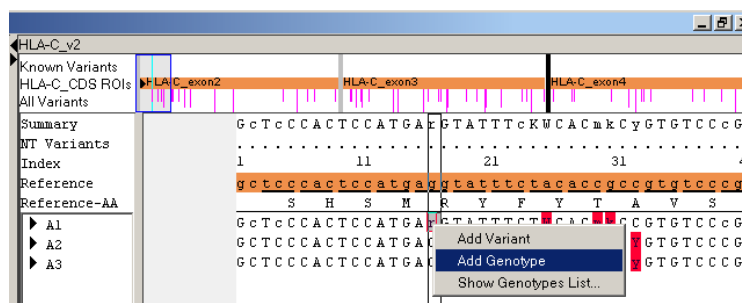


**データの保存** 作業を完了したら、プロジェクトを保存してください。「File」>「Save Project」を選択するか、（「Save Project」）をクリックします。

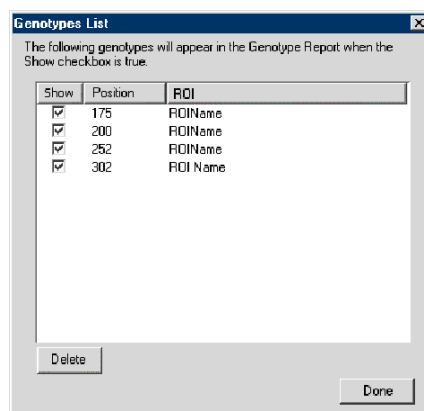
## ジェノタイプの追加

Genotype レポートにジェノタイプを追加するには

1. Project ビューで、スペシメンの塩基を選択し、右クリックして「Add Genotype」を選択します。



2. ジェノタイプのリストを表示するには、スペシメンの塩基を選択し、右クリックして「Show Genotypes List」を選択します。



3. Genotyping レポートに位置を表示するには、「Show」チェックボックスを選択します。7-29 ページの「Genotyping レポート」を参照してください。



# データおよびレポートのエクスポートと印刷

---

# 9

この章では、次の項目について説明します。

|                       |      |
|-----------------------|------|
| データ ファイルのエクスポート ..... | 9-3  |
| レポートのエクスポート .....     | 9-8  |
| データとレポートの印刷 .....     | 9-10 |

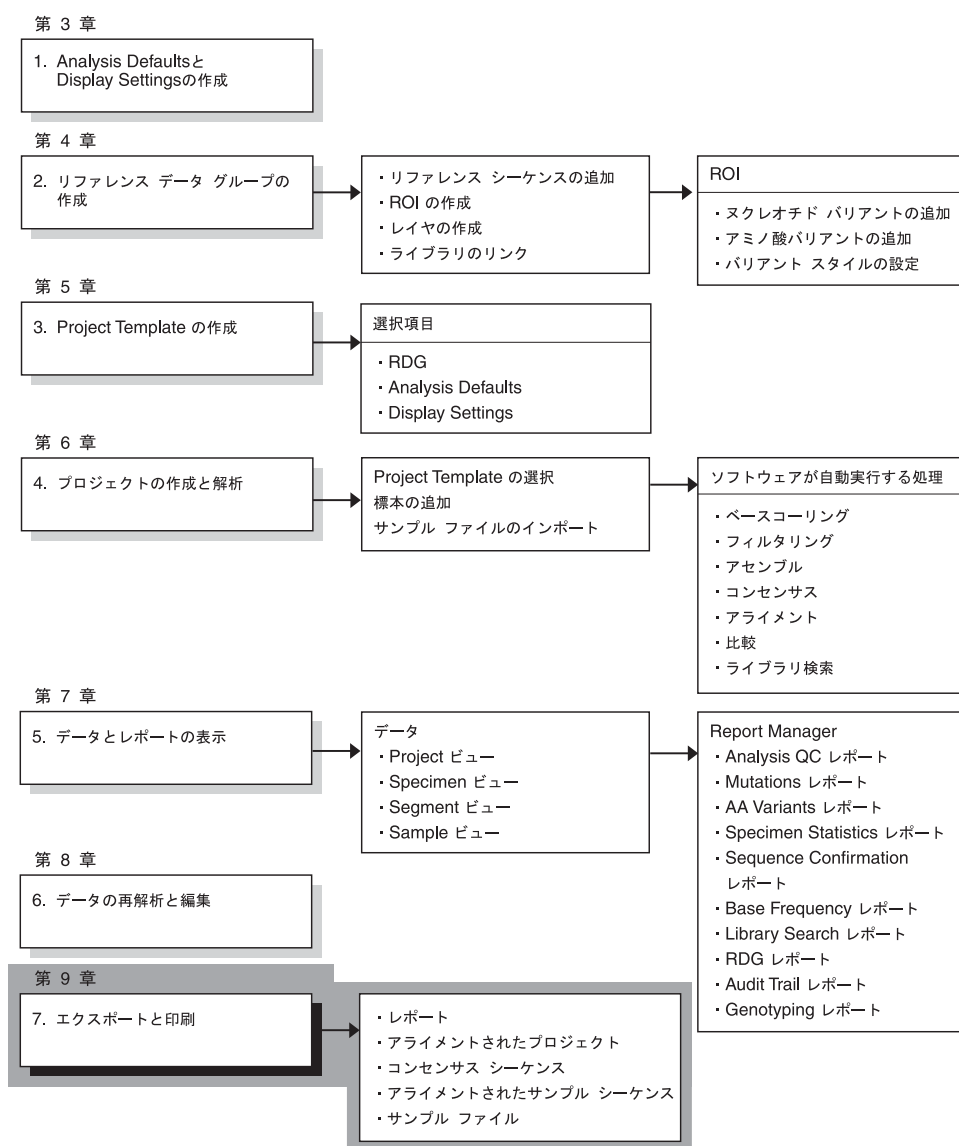


図 9-1 印刷およびエクスポート手順の位置付け

# データ ファイルのエクスポート

**ファイル名** デフォルトのファイル名は、プロジェクト名とレポートの種類から付けられます。

ファイル名には、次の文字を使用しないでください。

\\: \* ? “ < > | & およびスペース

**形式オプション** プロジェクト、スペシメン、セグメント、またはサンプル ファイルをエクスポートすることができます。

表 9-1 に、使用可能な形式オプションをまとめます。データ ファイルには、ヘッダおよびフッタ情報は組み込まれません。

注：1 度にエクスポートできるデータ ファイルは 1 つのみです。

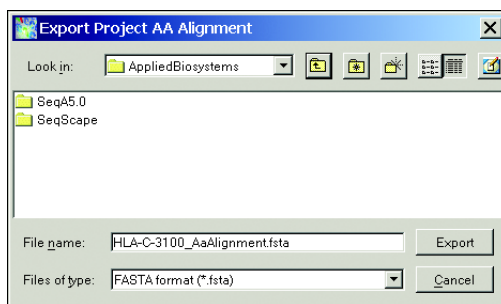
表 9-1 エクスポート オプションとファイル形式オプション

| エクスポート オプション                  | ファイル形式オプション           |
|-------------------------------|-----------------------|
| プロジェクト                        |                       |
| Project Alignment-Nucleotides | FASTA                 |
| Project Alignment-Amino Acids |                       |
| スペシメンおよびセグメント                 |                       |
| コンセンサス シーケンス                  | FASTA、SEQ、または QUAL    |
| アライメントされたサンプル シーケンス           | FASTA                 |
| サンプル                          |                       |
| サンプル シーケンス ファイル               | FASTA、SEQ、AB1、または PHD |

## プロジェクト アライメントの エクスポート

プロジェクト アライメントをエクスポートするには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. ナビゲーション ペインで、「Project」アイコンを選択します。
3. 「File」>「Export」>「Project Alignment-Nucleotides」または「Project Alignment-Amino Acid」を選択します。



4. 「Export Project」ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. Project ビューを保存するフォルダの場所を選択します。
  - b. 必要に応じて、ファイル名を変更します。

**注：** デフォルトのファイル名は、プロジェクト名と項目の種類を示す接尾辞に FASTA 拡張子を付けた名前になります。

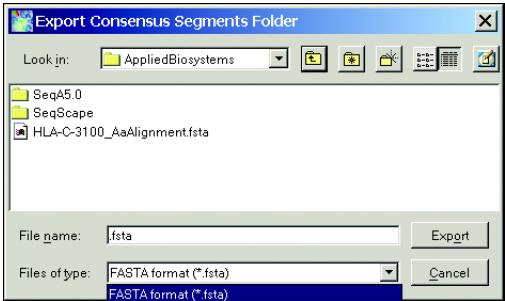
- c. 「Export」をクリックします。



スเปシメンの  
エクスポート

スเปシメンをエクスポートするには

- 1. 対象のプロジェクトを開きます。
- 2. ナビゲーション ペインで、「Specimen」 アイコンを選択します。
- 3. 「File」> 「Export」> 「Consensus Sequence」または「Aligned Sample Sequence」を選択します。



- 4. 「Export Consensus」 ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. ファイルを保存するフォルダの場所を選択します。

注：デフォルトのファイル名は、プロジェクト名と項目の種類を示す接尾辞に FASTA 拡張子を付けた名前になります。

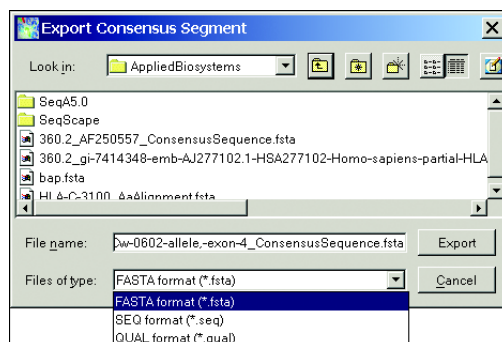
| プロジェクトに含まれる<br>セグメント数 | 手順                                                      |
|-----------------------|---------------------------------------------------------|
| 1 つ                   | 必要に応じて、ファイル名を変更します。                                     |
| 2 つ以上                 | ファイル名を入力しないでください。<br>注： 個々のセグメント名が使用されます。入力した名前は無視されます。 |

- b. 「Consensus Sequence」 オプションで、「Files of type」 ドロップダウン リストからファイル形式を選択します。
  - c. 「Export」 をクリックします。

セグメントの  
エクスポート

セグメントをエクスポートするには

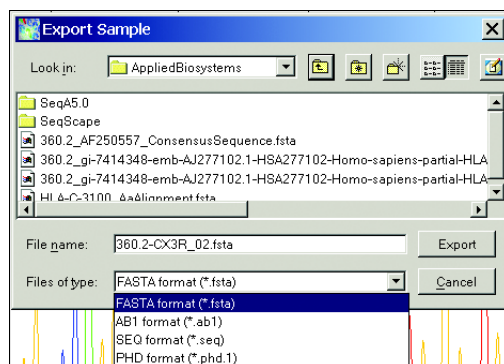
1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. ナビゲーション ペインで、「Segment」アイコンを選択します。
3. 「File」>「Export」>「Consensus Sequence」または「Aligned Sample Sequence」を選択します。



4. 「Export」ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. ファイルを保存するフォルダの場所を選択します。
  - b. 必要に応じて、ファイル名を変更します。デフォルトのファイル名は、セグメント名に FASTA 拡張子を付けた名前になります。
  - c. 「Consensus Sequence」オプションで、「Files of type」ドロップダウン リストからファイル形式を選択します。
  - d. 「Export」をクリックします。

## サンプルのエクスポート サンプルをエクスポートするには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. ナビゲーション ペインで、「Sample」アイコンを選択します。
3. 「File」> 「Export」> 「Sample Sequence File」を選択します。



4. 「Export」 ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. ファイルを保存するフォルダの場所を選択します。
  - b. 必要に応じて、ファイル名を変更します。デフォルトのファイル名は、サンプル名に FASTA 拡張子を付けた名前になります。
  - c. 「Files of type」 ドロップダウン リストからファイル形式を選択します。
  - d. 「Export」 をクリックします。

## レポートのエクスポート

**ファイル名** デフォルトのファイル名は、プロジェクト名とレポートの種類から付けられます。

ファイル名には、次の文字を使用しないでください。

\\/: \* ? > | およびスペース

**形式オプション** 作成したレポートは、ポータブルドキュメントフォーマット (PDF)、テキスト、HTML、または XML 形式にエクスポートすることができます (表 9-2)。

**注：** HTML または XML のいずれかを選択するときは、標準の表示に使用する場合は HTML、スクリプティングアプリケーションで使用する場合は XML を使用してください。

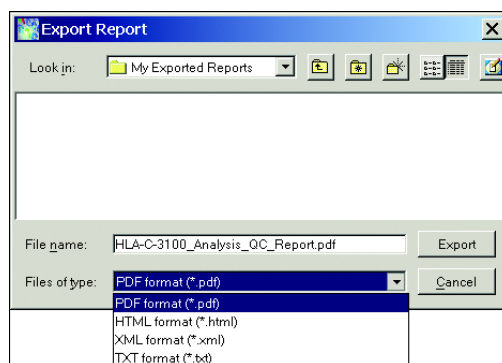
表 9-2 ファイル形式と対応するアプリケーション オプション

| ファイル形式      | 開くアプリケーション                                    |
|-------------|-----------------------------------------------|
| PDF (デフォルト) | Adobe® Acrobat® Reader™                       |
| HTML **     | HTML ファイルを表示可能な Web ブラウザまたは任意のソフトウェア          |
| XML         | Web ブラウザ                                      |
| TXT         | メモ帳、ワードパッド、Microsoft Word、または任意のテキスト互換のソフトウェア |

\*\* レポートを HTML 形式にエクスポートするとフォルダが自動的に作成されますが、このフォルダには複数の HTML ファイルが含まれる場合があります。レポートのすべてのデータは、そのレポート名のみが付けられたファイルに保存されます。

**レポートのエクスポート** レポートをエクスポートするには

1. 対象のプロジェクトを開き、 をクリックします。
2. ナビゲーションペインで、レポートの種類を選択します。
3. 必要に応じて、レポートをカスタマイズします (7-32 ページの「レポートのカスタマイズ」を参照してください)。
4. 「File」> 「Export」> 「Report」を選択します。



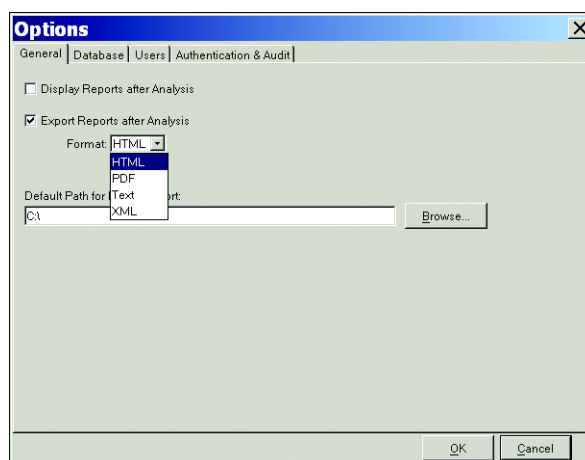
5. 「Export Report」ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. レポートを保存するフォルダの場所を選択します。
  - b. 必要に応じて、レポートのファイル名を変更します。デフォルトのファイル名は、プロジェクト名とレポートの種類に .pdf 拡張子を付けた名前になります。
  - c. 「Files of type」 ドロップダウン リストからファイル形式を選択します。
  - d. 「Export」 をクリックします。

## すべてのレポートの 自動エクスポート

解析後、レポートを自動的にエクスポートすることができます。

### レポートの自動エクスポートを設定するには

1. 「Tools」> 「Options」 を選択します。



2. ダイアログ ボックスの「General」 タブを次のとおりに完成させます。
  - a. 必要に応じて、「Display Reports after Analysis」 チェック ボックスを選択します。
  - b. 「Export Reports after Analysis」 チェック ボックスを選択し、ドロップダウン リストからエクスポート形式を選択します。
  - c. エクスポートしたファイルを保存するデフォルトの場所を定義します。
  - d. 「OK」 をクリックします。

## データとレポートの印刷

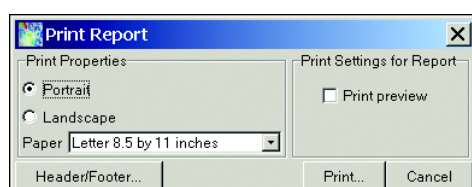
SeqScope ソフトウェアで表示可能な任意の画面を WYSIWYG (what you see is what you get) 方式で、推奨されるプリンタ (HP 8100、4500、990cxi、および Epson 980) に印刷することができます。プロジェクトのレポートのほか、プロジェクト、スペシメン、セグメント、および Sample ビューの印刷が可能です。

### ヘッダおよびフッタ 表示のカスタマイズ

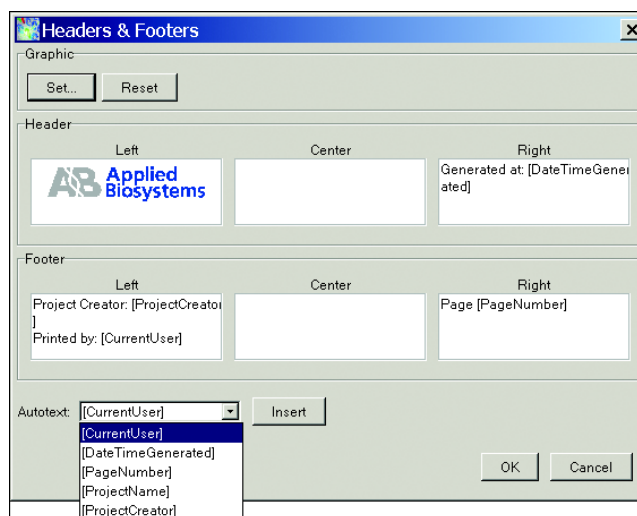
エクスポートおよび印刷したレポート、印刷したデータ ビューには、デフォルトのヘッダおよびフッタ情報が表示されます。ただし、エクスポートしたデータ ファイルには、ヘッダおよびフッタは含まれません。

印刷およびエクスポートしたレポートのヘッダ / フッタの表示をカスタマイズするには

1. 「File」> 「Print」を選択します。



2. 「Header/Footer」をクリックします。



3. 必要に応じて、次の手順でグラフィックを変更します。
  - a. 「Graphic」セクションで、「Set」をクリックします。
  - b. ダイアログ ボックスで、グラフィック ファイルを選択します。
  - c. 「OK」をクリックします。

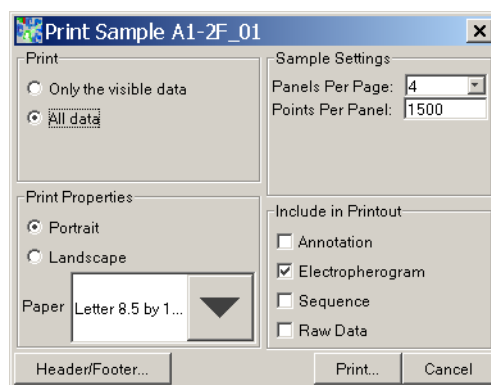
**注：** このグラフィックは、「Headers & Footers」ダイアログ ボックスと、印刷またはエクスポートしたレポートの左上に表示されます。

4. ヘッダ/フッタ情報を変更するには、次のいずれかの操作を実行します。
  - ヘッダ/フッタのテキスト ボックスにテキストを入力します。
  - 「Autotext」 ドロップダウン リストからオートテキスト変数を選択します（テキスト ボックスにカーソルを移動し、ドロップダウン リストからオートテキスト オプションを選択して、「Insert」 をクリックします）。
  - テキスト入力とオートテキスト変数を組み合わせて使用します。
5. 次の手順で変更を保存します。
  - a. 「OK」 をクリックして「Header & Footer」 ダイアログ ボックスを閉じます。
  - b. 「Print Report」 ダイアログ ボックスで「Print」 をクリックします。
  - c. 「Print」 ダイアログ ボックスで、次のボタンをクリックします。
    - 印刷せずに変更を保存するには、「Cancel」 をクリックします。
    - 変更を保存して印刷するには、「OK」 をクリックします。

## サンプル ファイルの ビューの印刷

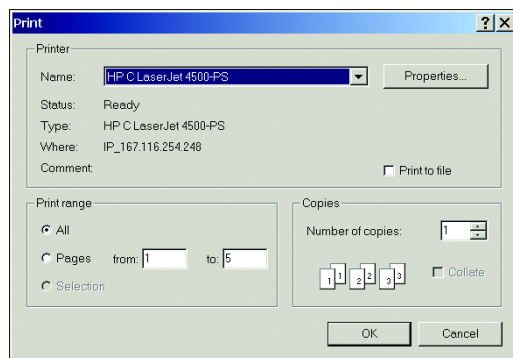
### サンプル ファイルの様々なビューを印刷するには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. ナビゲーション ペインで、印刷するサンプルを選択します。
3. 「File」 > 「Print」 を選択するか、 をクリックします。



4. ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. 「Print」 セクションで、「All data」を選択します。
  - b. 「Print Properties」 セクションで、用紙の向きとサイズを選択します。
  - c. 「Sample Settings」 セクションで、「Panels Per Page」 ドロップダウン リストから値を選択します。1 ～ 4 までの値を指定できます。デフォルトは 4 です。
  - d. 「Points Per Panel」 値ボックスで値を選択します。100 ～ 12000 までの値を指定できます。デフォルトは 1500 です（約 120 塩基）。
  - e. 「Include a Printout」 セクションで、印刷するビューを選択します。
  - f. セグメント アセンブリを印刷する場合、「Print Settings for Project」 セクションの「Bases per panel」 フィールドに新規の値を入力します。

g. 「Print」をクリックします。



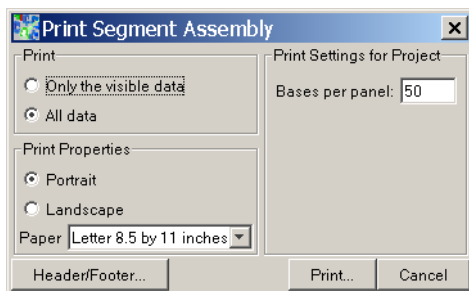
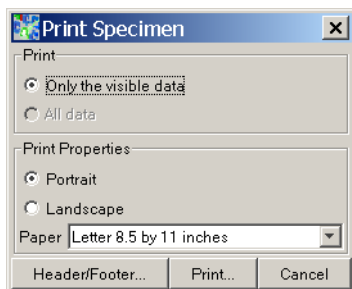
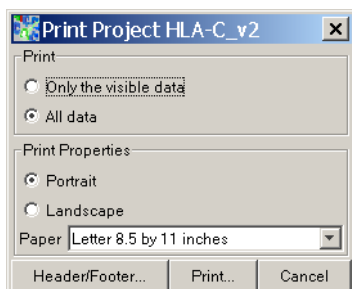
5. プリンタを選択し、「OK」をクリックします。

両方の「Print」ダイアログボックスが閉じ、印刷が開始されます。

## プロジェクトの様々な ビューの印刷

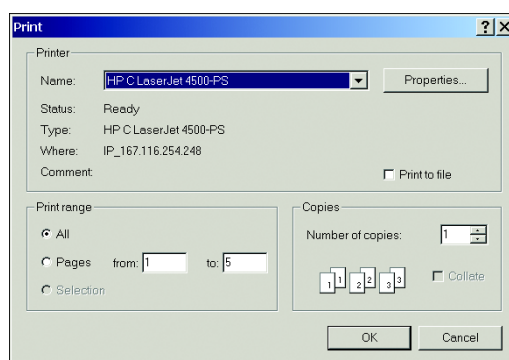
プロジェクトの様々なビューを印刷するには

1. 対象のプロジェクトを開きます。
2. ナビゲーションペインで、印刷するビュー（Project、Specimen、または Segment）を選択します。
3. WYSIWYG 方式で印刷する場合、ビューの印刷領域までスクロールします。
4. 「File」>「Print」を選択するか、 をクリックします。





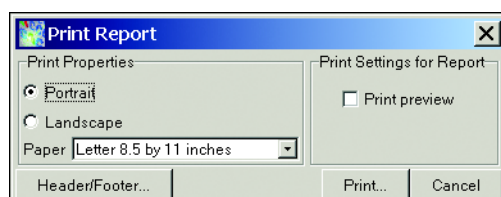
5. ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. 「Print」セクションで、「Only the visible data」(WYSIWYG) または「All data」(使用可能な場合) を選択します。
  - b. 「Print Properties」セクションで、用紙の向きとサイズを選択します。
  - c. セグメント アセンブリを印刷する場合、「Print Settings for Project」セクションの「Bases per panel」フィールドに新規の値を入力します。
  - d. 「Print」をクリックします。



6. プリンタを選択し、「OK」をクリックします。  
両方の「Print」ダイアログ ボックスが閉じ、印刷が開始されます。

## レポートの印刷 レポートを印刷するには

1. 対象のプロジェクトを開き、 をクリックします。
2. ナビゲーション ペインで、レポートの種類を選択します。
3. 必要に応じて、レポートをカスタマイズします (7-32 ページの「レポートのカスタマイズ」を参照してください)。
4. 「File」> 「Print」を選択します。

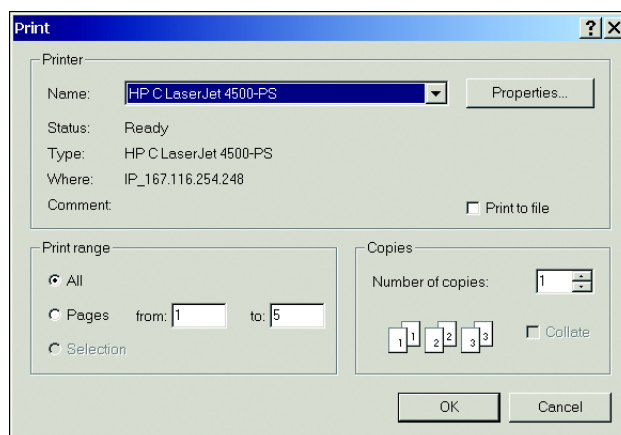


5. 「Print Report」ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. 「Print Properties」セクションで、用紙の向きとサイズを選択します。
  - b. 必要に応じて、「Print Settings for Report」セクションで、「Print Preview」を選択します。
  - c. 「Print」をクリックします。

6. 次の表から、次に進む手順を判断してください。

| 「Print preview」オプションの状態 | 次に進む手順 |
|-------------------------|--------|
| 選択しない                   | 7      |
| 選択                      | 8      |

7. 「Print」ダイアログ ボックスが開きます。



プリンタを選択してページ範囲を定義し、「OK」をクリックします。

8. 「Report Preview」ダイアログボックスが開きます。9-16 ページの表 9-3 のコマンド ボタンを使用します。

「Print」ダイアログ  
ボックス

The 'Print' dialog box contains the following fields and controls:

- Printer:** Name: HP C.LaserJet 4500-PS, Status: Ready, Type: HP C.LaserJet 4500-PS, Where: IP\_167.116.254.248, Comment: (empty). Includes a 'Properties...' button and a 'Print to file' checkbox.
- Print range:**
  - ☒ All
  - ☐ Pages: from 1 to 5
  - ☐ Selection
- Copies:** Number of copies: 1, Collate checkbox.
- Buttons: OK, Cancel.

「Print Pages」  
ダイアログ ボックス

The 'Page(s)' dialog box contains the following fields and controls:

- Page(s):** current: 1 of 2
- Page range:** from 1 to 2
- Buttons: OK, Cancel.

レポートの異なる  
ページを表示する  
ときに使用します。

「Report Preview」  
ダイアログ ボックス

The 'Report Preview' dialog box displays a report titled 'SeqScope Analysis QC Report' generated at 04 Sep 2002 at 19:41:57 PDT. The report includes a summary table and a specimen analysis table.

**Summary Table:**

| Field                      | Value                       |
|----------------------------|-----------------------------|
| Active Layer               | HLA-C_CDS                   |
| Project                    | HLA-3100_v2                 |
| Project Creation Date      | 04 Sep 2002 at 19:41:57 PDT |
| Project Modification Date  | 04 Sep 2002 at 19:41:57 PDT |
| Project Template (PT)      | HLA-3100_v2                 |
| PT Creation Date           | 04 Sep 2002 at 19:08:54 PDT |
| PT Modification Date       | 04 Sep 2002 at 19:41:57 PDT |
| Reference Data Group (RDG) | HLA-C_exons2-4_v2           |
| RDG Creation Date          | 04 Sep 2002 at 19:21:47 PDT |
| RDG Modification Date      | 04 Sep 2002 at 19:41:57 PDT |
| Display Settings (DS)      | DefaultDisplaySettings_v2   |
| DS Creation Date           | 20 Jul 2001 at 09:23:19 PDT |
| DS Modification Date       | 04 Sep 2002 at 19:41:57 PDT |
| Analysis Defaults (AD)     | 3100SR-mixed_v2             |
| AD Creation Date           | 04 Sep 2002 at 19:04:47 PDT |
| AD Modification Date       | 04 Sep 2002 at 19:41:57 PDT |

**Specimens in Report:**

| Specimen | # Samples | Basecalling | Filter         | Assembly  | Specimen Score | Total # Variants | Comments |
|----------|-----------|-------------|----------------|-----------|----------------|------------------|----------|
| A1       | 8         | Complete    | Partial Output | No output | 25             | 53               |          |

**Legend:** Complete - ■ Partial Output - ▲ No output - ●

For Research Use Only. Not For Use In Diagnostic Procedures.

Owner: Page 1

1 of 2.

表 9-3 「Report Preview」のボタンの機能

| ボタン                      | 機能                                                                                                                                                               |
|--------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| First、Previous、Next、Last | レポートの様々なページを表示します（一度に表示できるのは1ページのみです）。                                                                                                                           |
| Print                    | 「Print」ダイアログ ボックスを開きます。<br>レポートを印刷するには、プリンタを選択し、「OK」をクリックします。                                                                                                    |
| Print Pages              | 「Page(s)」ダイアログ ボックスを開きます。<br>ページ範囲を設定し、「OK」をクリックします。レポートを印刷するには、「Print」ダイアログ ボックスで「OK」をクリックします。<br>注：「Page(s)」ダイアログ ボックスの設定によって、標準の「Print」ダイアログ ボックスの設定が上書きされます。 |
| Close                    | レポートを印刷せずにプレビュー ウィンドウを閉じます。                                                                                                                                      |

# サンプルおよびコンセンサスの Quality Value

---

# 10

この章では、次の項目について説明します。

|                               |       |
|-------------------------------|-------|
| Quality Value (QV) の種類 .....  | 10-2  |
| サンプル Quality Value .....      | 10-3  |
| コンセンサス Quality Value .....    | 10-5  |
| Quality Value の表示 .....       | 10-6  |
| Quality Value を持つ塩基の編集 .....  | 10-9  |
| Quality Value のレポートへの記録 ..... | 10-10 |

## Quality Value (QV) の種類

表 10-1 に、QV の種類と表示される場所をまとめます。

表 10-1 Quality Value の種類

| Quality Value の種類 | 定義                                              | 場所                                                                                                            |
|-------------------|-------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| サンプル QV           | Basecaller による塩基ごとの推定精度                         | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Sample ビュー</li> <li>• Specimen ビュー</li> <li>• Project ビュー</li> </ul> |
| サンプル スコア          | サンプルの Clear Range シーケンスに含まれる塩基の平均 Quality Value | Specimen Statistics レポート                                                                                      |
| コンセンサス QV         | コンセンサスコーリング アルゴリズムによる塩基ごとの推定精度                  | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Specimen ビュー</li> <li>• Project ビュー</li> </ul>                       |
| コンセンサス スコア        | スペシメンのコンセンサス シーケンスに含まれる塩基の平均 Quality Value      | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Analysis QC レポート</li> <li>• Specimen Statistics レポート</li> </ul>      |
| ミューテーション QV       | Basecaller による塩基ごとの推定精度                         | Mutations レポート                                                                                                |
| 欠失ミューテーションの QV    | 欠失部位の左右にある塩基の平均 Quality Value                   | Mutations レポート                                                                                                |
| FGR 平均 QV         | 対象領域全体でのコンセンサス シーケンスの平均 Quality Value           | Genotyping レポート                                                                                               |
| 5' 制御範囲平均 QV      | 5' 領域にあるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Value           | Genotyping レポート                                                                                               |
| エクソン平均 QV         | エクソン領域にあるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Value          | Genotyping レポート                                                                                               |
| イントロン平均 QV        | イントロン領域にあるコンセンサス シーケンスの平均 Quality Value         | Genotyping レポート                                                                                               |

# サンプル Quality Value

## サンプル Quality Value

サンプル Quality Value (SQV) は、Basecaller による塩基ごとの推定精度です。SQV を算出する Basecaller には、次の 2 種類があります。

- KB - ミックス ベースまたは単一の塩基を検出し、サンプル Quality Value を算出する新たなアルゴリズム。
- ABI - ABI PRISM® Sequencing Analysis ソフトウェア v3.7 で単一の塩基を検出するために使用されるアルゴリズム。その後、TraceTuner™ ソフトウェアによってミックス ベースが検出され、サンプル Quality Value が算出されます。

KB アルゴリズムと ABI アルゴリズムで算出される SQV は、多少異なることがあります。

## サンプル Quality Value の解釈

塩基ごとの SQV は、次の式によって特定のスケールに換算されます。

$$QV = -10\log_{10}(Pe)$$

ここで、 $Pe$  はベースコールのエラー確率です。

KB Basecaller は、1 ～ 99 の範囲の QV を算出します。1 は信頼度が低く、99 は信頼度が高いことを示します。1 ～ 99 の QV で表されるベースコールのエラー確率については、10-4 ページの表 10-2 「Quality Value とエラー確率」を参照してください。

ミックス ベース コールは、単一の塩基のベースコールより SQV が低くなります。

良好なデータの一般的な QV の範囲は、25 ～ 50 です。

50 ～ 99 の QV では、QV バーのサイズと色は同じです。実際の QV の数値を表示するには、10-8 ページの「クオリティ バーと QV の表示」を参照してください。

**サンプル スコア** サンプル スコアは、SQV から作成され、サンプルの Clear Range シーケンスに含まれる塩基の平均 Quality Value を示します。

表 10-2 Quality Value とエラー確率

| Quality Value = $-10\lg_{10}(Pe)$                      |      |    |        |    |             |
|--------------------------------------------------------|------|----|--------|----|-------------|
| where $Pe$ is probability of error                     |      |    |        |    |             |
| KB basecaller generates QVs from 1 to 99               |      |    |        |    |             |
| Typical high quality pure bases will have QV 20-50     |      |    |        |    |             |
| Typical high quality mixed bases will have QV 10-50    |      |    |        |    |             |
| Size and color of QVs bars are identical for QVs 50-99 |      |    |        |    |             |
| QV                                                     | Pe   | QV | Pe     | QV | Pe          |
| 1                                                      | 79%  | 21 | 0.790% | 41 | 0.0079%     |
| 2                                                      | 63%  | 22 | 0.630% | 42 | 0.0063%     |
| 3                                                      | 50%  | 23 | 0.500% | 43 | 0.0050%     |
| 4                                                      | 39%  | 24 | 0.390% | 44 | 0.0039%     |
| 5                                                      | 31%  | 25 | 0.310% | 45 | 0.0031%     |
| 6                                                      | 25%  | 26 | 0.250% | 46 | 0.0025%     |
| 7                                                      | 20%  | 27 | 0.200% | 47 | 0.0020%     |
| 8                                                      | 15%  | 28 | 0.150% | 48 | 0.0015%     |
| 9                                                      | 12%  | 29 | 0.120% | 49 | 0.0012%     |
| 10                                                     | 10%  | 30 | 0.100% | 50 | 0.0010%     |
| 11                                                     | 7.9% | 31 | 0.079% | 60 | 0.0001%     |
| 12                                                     | 6.3% | 32 | 0.063% | 70 | 0.00001%    |
| 13                                                     | 5.0% | 33 | 0.050% | 80 | 0.000001%   |
| 14                                                     | 4.0% | 34 | 0.040% | 90 | 0.0000001%  |
| 15                                                     | 3.2% | 35 | 0.032% | 99 | 0.00000012% |
| 16                                                     | 2.5% | 36 | 0.025% |    |             |
| 17                                                     | 2.0% | 37 | 0.020% |    |             |
| 18                                                     | 1.6% | 38 | 0.016% |    |             |
| 19                                                     | 1.3% | 39 | 0.013% |    |             |
| 20                                                     | 1.0% | 40 | 0.010% |    |             |



## コンセンサス Quality Value

コンセンサス Quality Value (QV) は、コンセンサスコーリング アルゴリズムによる塩基ごとの推定精度です。SQV を KB Basecaller で作成する場合、QV の作成には KB コンセンサスコーリング アルゴリズムが使用されます。SQV を ABI Basecaller と TraceTuner で算出する場合、QV の算出には TraceTuner コンセンサスコーリング アルゴリズムが使用されます。

KB および TraceTuner コンセンサスコーリング アルゴリズムによって算出されるコンセンサス QV は、多少異なることがあります。

### コンセンサス Quality Value の解釈

どちらのコンセンサスコーリング アルゴリズムの確実性も、塩基ごとのコンセンサス QV の影響を受けます。コンセンサス QV は、次のような多数の項目から導き出されます。

- 個々のサンプル シーケンス ストランドからのコール間に存在する Quality Value のずれの大きさ
- 同じ方向のストランドからのコールが重複する可能性
- Basecaller がミックス ベースを見落とす可能性

QV の範囲は 1 ～ 50 です。高い数値は、アルゴリズムが一定の信頼度で判断したコールを示し、低い数値は、ユーザが検査して正しい答えを確認する必要のあるコールを示します。コンセンサス Quality Value は、塩基ごとのサンプル Quality Value と同じスケールになるよう大まかに換算されます。

### コンセンサス スコア

コンセンサス スコアは、コンセンサス QV から算出され、スペシメンのコンセンサス シーケンスに含まれる塩基の平均 Quality Value を示します。

## Quality Value の表示

QV は、サンプルの各塩基上にバーで表示されます（図 10-1 および 10-2）。バーの高さと色は QV の値を示し、バーが高い程、QV が高いことを表します。値に関連付けられているバーの色は、「Display Settings」で編集することができます。

注：50 ～ 99 の QV では、QV バーのサイズと色は同じです。

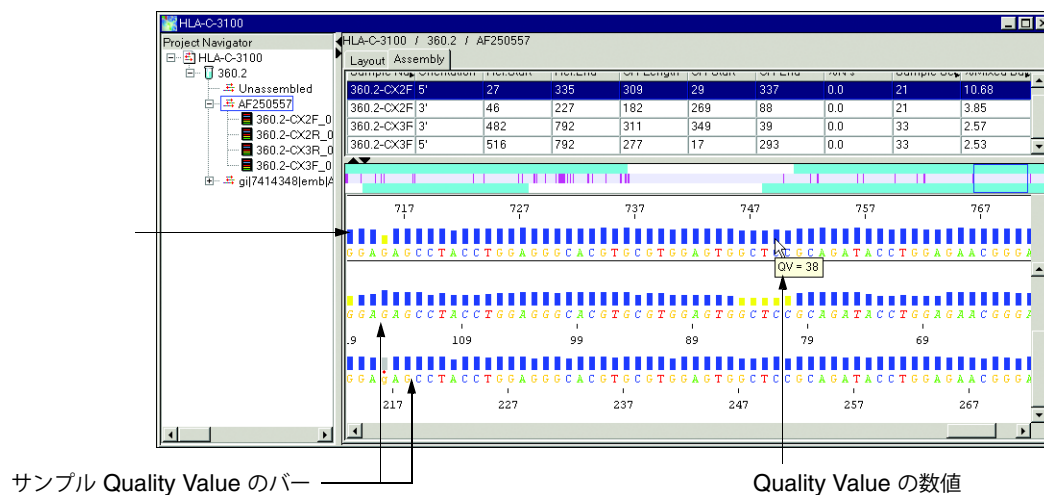


図 10-1 Specimen ビューの QV バーの例

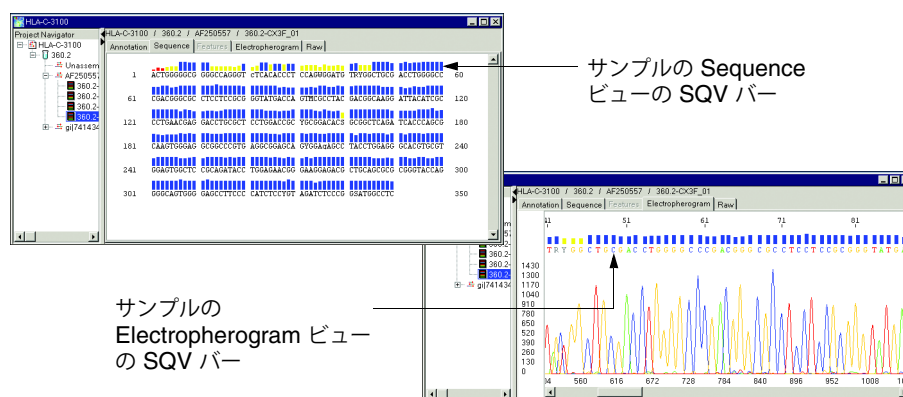


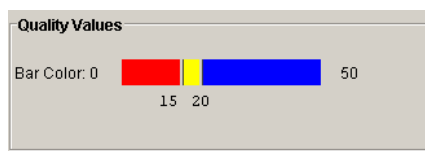
図 10-2 Sample ビューの SQV の例

### Quality Value の表示のカスタマイズ

QV に関連付ける低、中、高の範囲と色を修正することができます。

QV の表示を修正するには

1. 「Analysis」 > 「Display Settings」を選択するか、**ds** をクリックします。
2. 「Bases」タブを選択します。
3. 「Quality Values」セクションで、2 色の間にポインタを置き（両向き矢印になります）、カラーバーのスライダをクリックして希望の値まで左右にドラッグします。



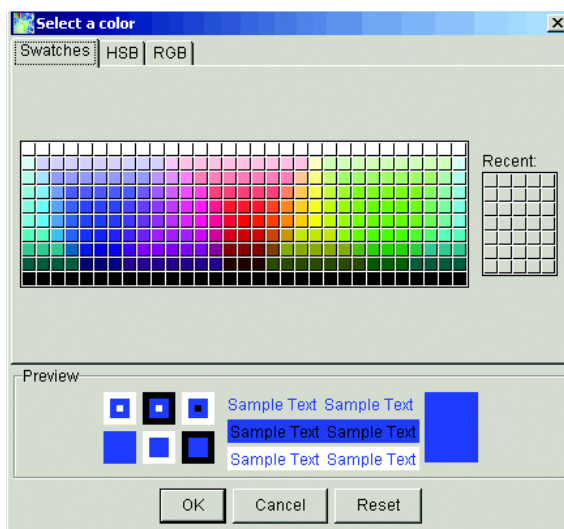
次の表の基準を使用して、プロジェクトで低、中、および高の範囲を表す値を定義します。

| QV バー | デフォルトの色と範囲   | 範囲によって指定するデータ |
|-------|--------------|---------------|
| 低     | 赤<br>0 ~ 14  | 容認できない        |
| 中     | 黄<br>15 ~ 19 | 手動による確認が必要    |
| 高     | 青<br>20 以上   | 容認            |

4. 必要に応じて、低、中、高の QV を表す色を変更します。

a. 「Bar Code」で変更する色を選択します。

「Select a color」ダイアログ ボックスが開きます。



b. 「Swatches」タブで新しい色を選択するか、「HSB」または「RGB」タブで新しい色を定義します。

c. 「OK」をクリックします。「Select a color」ダイアログ ボックスが閉じます。

5. 次のいずれかを実行します。

- 「OK」をクリックし、変更を作業中のサンプルに保存します。
- 「Save to Manager As」をクリックし、変更を SeqScape Manager に保存します。

## クオリティ バーと QV の表示

プロジェクト内のサンプルまたはコンセンサスを表示したときに QV バーが表示されない場合、次の手順に従って QV バーと値を表示してください。

### クオリティ バーと値を表示するには

1. プロジェクトを開き、対象のスペシメンを開きます。
2. 対象のセグメントを開き、「Assembly」タブを選択します。
3. サンプル QV を表示するには、「View」>「Show/Hide sample QV」を選択するか、 をクリックします。
4. コンセンサス QV を表示するには、「View」>「Show/Hide consensus QV」を選択するか、 をクリックします。
5. 特定のバーが表す数値を表示するには、バーの上にカーソルを 2 秒間置いたままにします。値が自動的に表示されます。

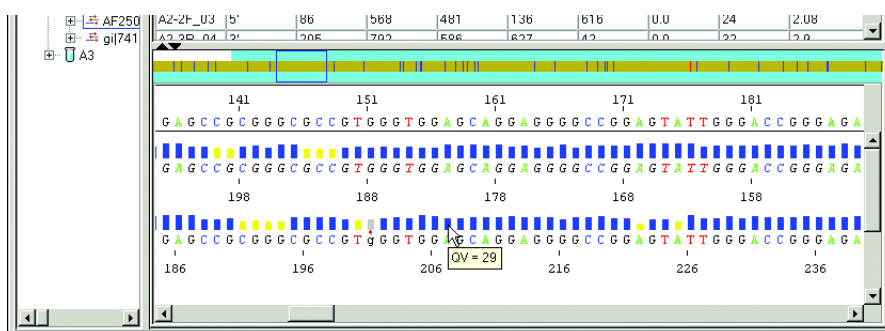


図 10-3 サンプル QV バーの値の表示

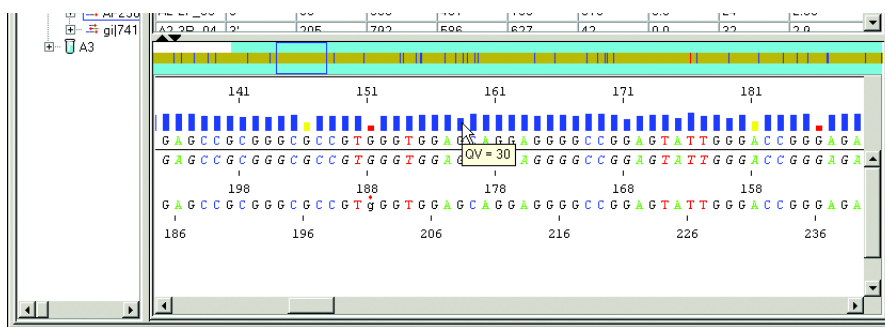


図 10-4 コンセンサス QV バーの値の表示

## Quality Value を持つ塩基の編集

塩基を変更、削除、および挿入すると、表示されるコンセンサス QV またはサンプル QV に影響します。

表 10-3 Quality Value を持つ塩基の編集結果

| 操作                                  | 結果                                                                    |
|-------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------|
| コンセンサスコーラによってすべてのサンプルには含まれない塩基を読み取る | 新規の塩基は、コンセンサス シーケンスでは大文字で示され、ベースコールが含まれず、赤のドットで示されていたサンプルでは小文字で示されます。 |
| 塩基を変更する                             | 新規の塩基は小文字で示され、SQV は同じ値になりますが、灰色のバーで表示されます。                            |
| 塩基を元のコールに戻す                         | 塩基は大文字で示され、Quality Value バーの色が元に戻ります。                                 |
| 塩基を挿入する                             | 挿入された塩基は小文字で示され、SQV を持ちません。                                           |
| 塩基を削除する                             | 塩基の Quality Value が消えます。                                              |
| 削除した塩基を再度挿入する                       | 再度挿入した塩基は小文字で示され、SQV を持ちません。                                          |

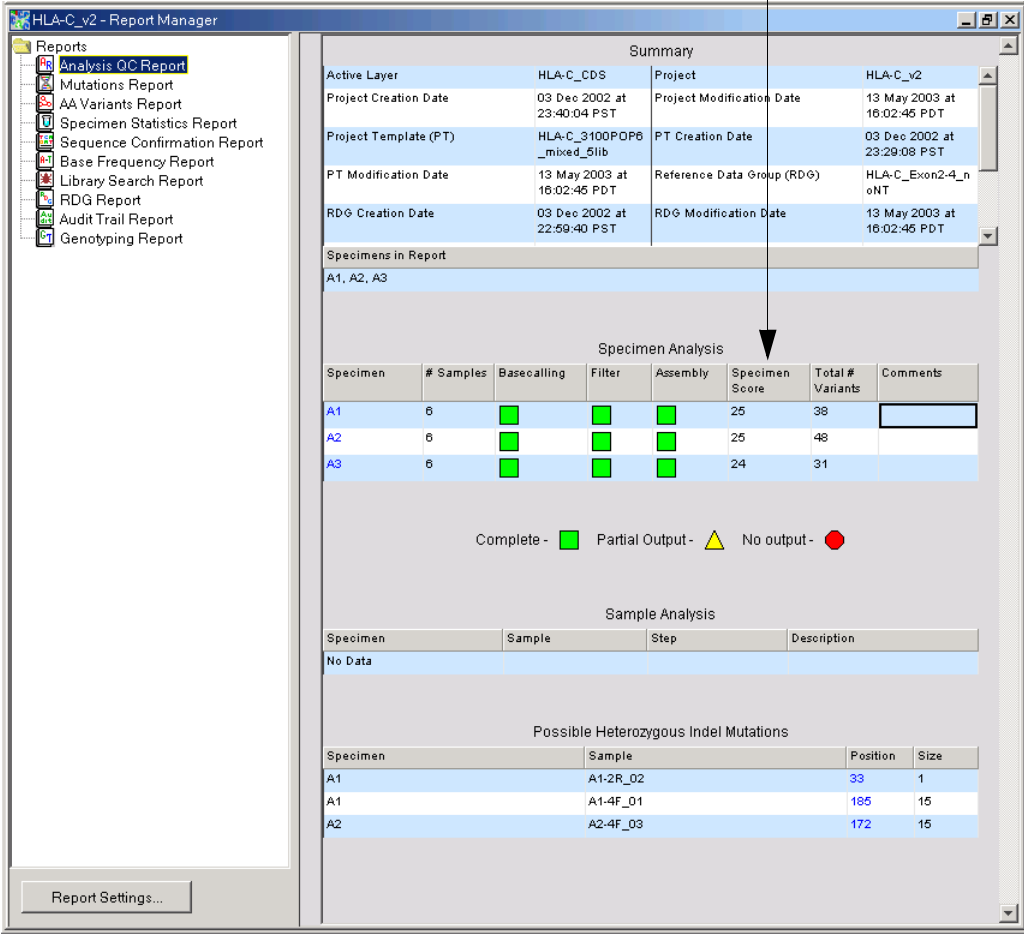
## Quality Value のレポートへの記録

Quality Value とスコアは、いくつかのレポートにも表示されます。これらのレポートを表示するには、「Analysis」>「Report Manager」を選択するか、 をクリックします。

### Analysis QC レポート

Analysis QC レポートのコンセンサス スコアは、各スペシメンのコンセンサス シーケンス全体の平均 Quality Value として表示されます。

Clear Range に含まれるすべての塩基の平均コンセンサス QV



**Summary**

|                       |                             |                            |                             |
|-----------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| Active Layer          | HLA-C_CDS                   | Project                    | HLA-C_v2                    |
| Project Creation Date | 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST | Project Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |
| Project Template (PT) | HLA-C_3100PDP6_mixed_5lib   | PT Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST |
| PT Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT | Reference Data Group (RDG) | HLA-C_Exon2-4_nont          |
| RDG Creation Date     | 03 Dec 2002 at 22:59:40 PST | RDG Modification Date      | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |

**Specimens in Report**

A1, A2, A3

**Specimen Analysis**

| Specimen | # Samples | Basecalling | Filter | Assembly | Specimen Score | Total # Variants | Comments |
|----------|-----------|-------------|--------|----------|----------------|------------------|----------|
| A1       | 6         |             |        |          | 25             | 38               |          |
| A2       | 6         |             |        |          | 25             | 48               |          |
| A3       | 6         |             |        |          | 24             | 31               |          |

Complete - Partial Output - No output -

**Sample Analysis**

| Specimen | Sample | Step | Description |
|----------|--------|------|-------------|
| No Data  |        |      |             |

**Possible Heterozygous Indel Mutations**

| Specimen | Sample   | Position | Size |
|----------|----------|----------|------|
| A1       | A1-2R_D2 | 33       | 1    |
| A1       | A1-4F_D1 | 185      | 15   |
| A2       | A2-4F_D3 | 172      | 15   |

Report Settings...

図 10-5 Analysis QC レポート

**Mutations レポート** 各ミューテーションの QV、および欠失部位の左右にある塩基の平均 QV は、Mutations レポートに表示されます。

**HLA-C\_v2 - Report Manager**

**Reports**

- Analysis QC Report
- Mutations Report**
- AA Variants Report
- Specimen Statistics Report
- Sequence Confirmation Report
- Base Frequency Report
- Library Search Report
- RDG Report
- Audit Trail Report
- Genotyping Report

**Summary**

|                       |                             |                            |                               |
|-----------------------|-----------------------------|----------------------------|-------------------------------|
| Active Layer          | HLA-C_CDS                   | Project                    | HLA-C_v2                      |
| Project Creation Date | 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST | Project Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT   |
| Project Template (PT) | HLA-C_3100POP6_mixed_5lib   | PT Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST   |
| PT Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT | Reference Data Group (RDG) | HLA-C_Exon2-4_noNT            |
| RDG Creation Date     | 03 Dec 2002 at 22:59:40 PST | RDG Modification Date      | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT   |
| Display Settings (DS) | TutorialDisplaySettings     | DS Creation Date           | 26 Nov 2002 at 23:37:59 PST   |
| DS Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:46 PDT | Analysis Defaults (AD)     | 3100_SR_POP6_BDTv1 mixed_5lib |

**Specimens in Report**

A1, A2, A3

**Mutations**

| Specimen | Base Change | ROI         | Position | Length | Type | QV | Known | Effect   | Aa Change | Description |
|----------|-------------|-------------|----------|--------|------|----|-------|----------|-----------|-------------|
| A1       | 16g>r       | HLA-C_exon2 | 16       | 1      | Sub  | 6  | no    | missense | R5[K,R]   |             |
| A1       | 25a>W       | HLA-C_exon2 | 25       | 1      | Sub  | 17 | no    | missense | Y8[Y,F]   |             |
| A1       | 29c>m       | HLA-C_exon2 | 29       | 1      | Sub  | 25 | no    | silent   | -         |             |
| A1       | 30g>k       | HLA-C_exon2 | 30       | 1      | Sub  | 3  | no    | missense | A10[A,S]  |             |
| A1       | 44c>Y       | HLA-C_exon2 | 44       | 1      | Sub  | 11 | no    | silent   | -         |             |
| A1       | 69g>K       | HLA-C_exon2 | 69       | 1      | Sub  | 10 | no    | missense | A23[A,S]  |             |
| A1       | 103a>G      | HLA-C_exon2 | 103      | 1      | Sub  | 7  | no    | missense | Q34R      |             |
| A1       | 128a>r      | HLA-C_exon2 | 128      | 1      | Sub  | 21 | no    | silent   | -         |             |

Report Settings...

ミューテーション Quality Value

図 10-6 Mutations レポート

**Specimen Statistics レポート** このレポートの Specimen Statistics 表の「Segment Score」カラムには、セグメントの平均コンセンサス QV スコアが表示されます。

また、Sample Results 表の「Sample Score」カラムには、Clear Range に含まれる塩基の平均サンプル QV が表示されます。

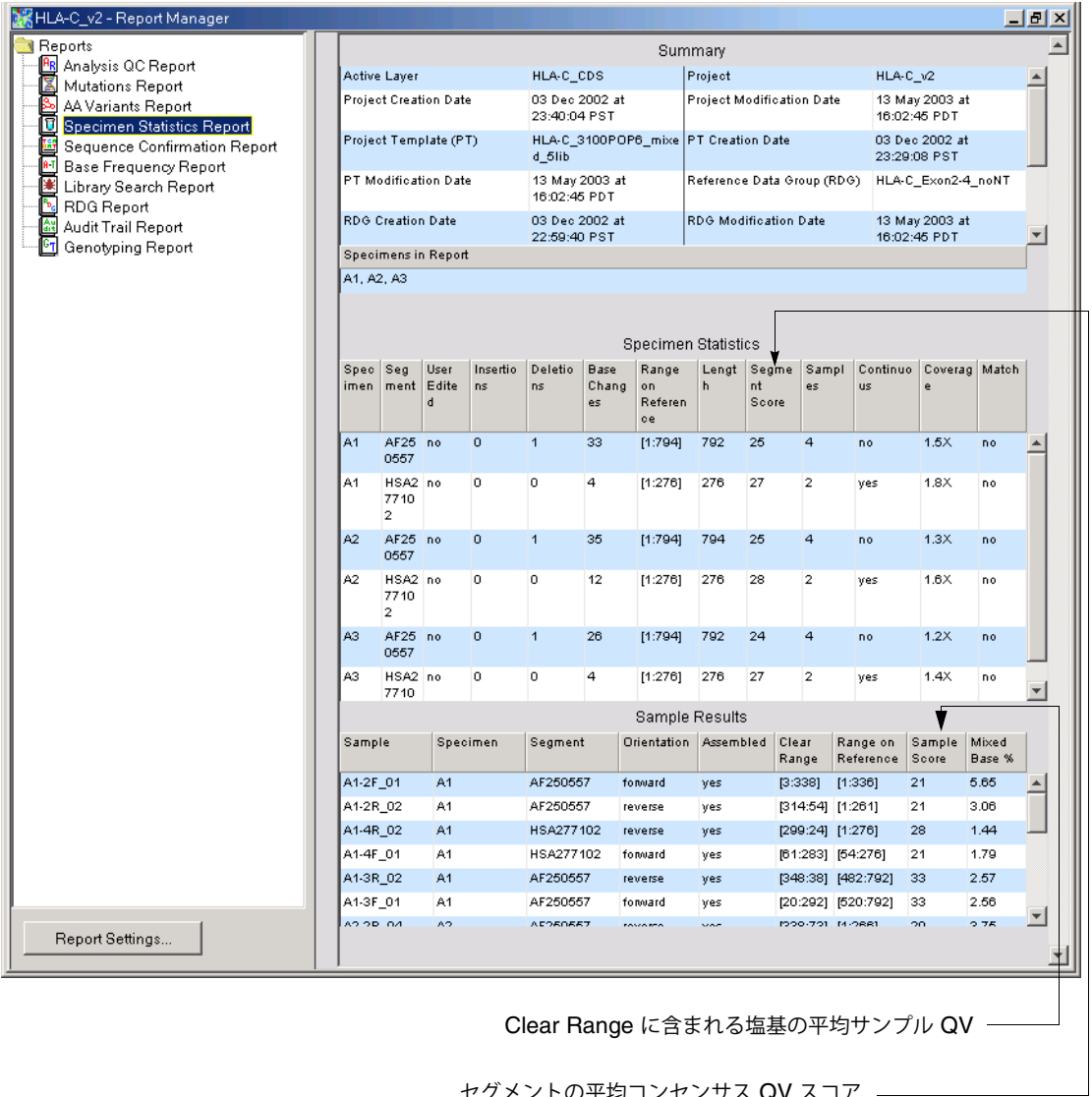


図 10-7 Specimen Statistics レポート



Genotyping レポート Resequencing Coverage 表には、複数の QV が表示されます。

**SeqScape - DM DM is logged in**

File Edit View Tools Analysis Window Help

Active Layer: HLA-C\_CDS Tab jumps to next: Multiple...

**HLA-C\_v2 - Report Manager**

Reports

- Analysis QC Report
- Mutations Report
- AA Variants Report
- Specimen Statistics Report
- Sequence Confirmation Report
- Base Frequency Report
- Library Search Report
- RDG Report
- Audit Trail Report
- Genotyping Report**

**Summary**

|                       |                             |                            |                             |
|-----------------------|-----------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| Active Layer          | HLA-C_CDS                   | Project                    | HLA-C_v2                    |
| Project Creation Date | 03 Dec 2002 at 23:40:04 PST | Project Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |
| Project Template (PT) | HLA-C_3100POP6_mixed_5li    | PT Creation Date           | 03 Dec 2002 at 23:29:08 PST |
| PT Modification Date  | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT | Reference Data Group (RDG) | HLA-C_Exon2-4_noNT          |
| RDG Creation Date     | 03 Dec 2002 at 22:59:40 PST | RDG Modification Date      | 13 May 2003 at 16:02:45 PDT |
| Display Settings (DS) | TutorialDisplaySettings     | DS Creation Date           | 26 Nov 2002 at 23:37:59 PST |

Specimens in Report

A1, A2, A3

**Gene Summary**

|                      |  |                       |  |
|----------------------|--|-----------------------|--|
| Gene Symbol          |  | Gene Name             |  |
| Gene Part Number     |  | Gene ID               |  |
| Gene Aliases         |  | Chromosome            |  |
| Cytogenetic Band     |  | Genomic Location      |  |
| NCBI Gene Reference  |  | Celera ID             |  |
| hCG Accession Number |  | hCT Accession Numbers |  |

**Transcript Table**

| Layer   | Amplicon ID | Assay Target Start | Assay Target Length | 5' Regulatory Length | Exon Length | Intron Length |
|---------|-------------|--------------------|---------------------|----------------------|-------------|---------------|
| No Data |             |                    |                     |                      |             |               |

**Resequencing Coverage**

| Specimen | FOR Cov. | FOR Avg QV | FOR Fwd Cov. | FOR Rev Cov. | 5' Reg Cov. | 5' Reg Avg QV | 5' Reg Fwd Cov. | 5' Reg Rev Cov. | Exon Cov. | Exon Avg QV | Exon Fwd Cov. | Exon Rev Cov. | Intron Cov. | Intron Avg QV | Intron Fwd Cov. | Intron Rev Cov. |
|----------|----------|------------|--------------|--------------|-------------|---------------|-----------------|-----------------|-----------|-------------|---------------|---------------|-------------|---------------|-----------------|-----------------|
| A1       | 100.0    | 30.5       | 93.1         | 98.9         | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             | 100.0     | 30.5        | 93.1          | 98.9          | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             |
| A2       | 100.0    | 32.5       | 76.6         | 98.7         | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             | 100.0     | 32.5        | 76.6          | 98.7          | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             |
| A3       | 100.0    | 31.2       | 57.5         | 100.0        | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             | 100.0     | 31.2        | 57.5          | 100.0         | 0.0         | 0.0           | 0.0             | 0.0             |

**Genotype Table**

| Specimen | No Data |
|----------|---------|
| A1       |         |
| A2       |         |
| A3       |         |

Report Settings...

Genotype Settings...

図 10-8 Genotyping レポート



# 解析の自動化

---

この章では、次の項目について説明します。

|                                                        |       |
|--------------------------------------------------------|-------|
| SeqScape および Data Collection ソフトウェアの統合 .....           | 11-2  |
| 作業を開始する前に.....                                         | 11-4  |
| SeqScape ソフトウェアで作成された必要なファイル .....                     | 11-6  |
| Autoanalysis Manger の起動.....                           | 11-6  |
| Data Collection ソフトウェアでの必要なファイルの作成 .....               | 11-7  |
| ランのスケジュールと開始 .....                                     | 11-17 |
| Autoanalysis Manager の理解 .....                         | 11-19 |
| Data Collection ソフトウェアと SeqScape ソフトウェアでのファイルの共有 ..... | 11-21 |

## SeqScape および Data Collection ソフトウェアの統合

**概要** Applied Biosystems 3730/3730xl DNA Analyzer および ABI PRISM® 3100/3100-Avant ジェネティック アナライザで作成されたシーケンシング データは、ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 を用いて自動的に解析することができます。自動解析は、サンプル ファイルを取り込んだものと同じ装置のコンピュータでのみ実行できます。ソフトウェアを設定することにより、ユーザによる操作を介さずにデータの取り込みやデータ解析を実行できます。

自動解析では、次の 3 つのソフトウェアが必要です。

- **3730/3730xl または 3100/3100-Avant Data Collection ソフトウェア v2.0**

Data Collection ソフトウェアは、装置のラン、およびサンプルからの蛍光データの取り込みに使用されます。自動解析を実行するには、Data Collection ソフトウェアが解析ソフトウェアと連携できるよう適切に設定されている必要があります。

Data Collection ソフトウェアは、Data Service を使用します。データの取り込み用のデータおよび SeqScape ソフトウェアで作成されたデータは、Data Collection ソフトウェアの Data Service から情報を収集します。

- **Autoanalysis Manager**

Autoanalysis Manager ソフトウェアは、Data Collection、SeqScape、および GeneMapper® ソフトウェアの統合の一環を担っており、メッセージを送信待ちにしたり、作業の経過をたどることができます。各メッセージは、1 つのサンプル、Result Group での複数のサンプル、またはサンプル ラン全体のいずれであっても、バッチ ジョブとみなされます。

Autoanalysis Manager は、Data Collection ソフトウェアと共に SeqScape または GeneMapper ソフトウェアをロードすると同時にインストールされます。

- **SeqScape ソフトウェアのユーザ インタフェースのないバージョン**

SeqScape ソフトウェアのこのバージョンは、ユーザ インタフェースを備えていない点を除き、通常バージョンと同じです。Autoanalysis Manager は、このバージョンの SeqScape ソフトウェアを使用して、プロジェクト データの解析を行ないます。

SeqScape ソフトウェアの自動処理バージョンおよび通常バージョンは、いずれも、SeqScape ソフトウェア インストール CD からインストールします。

**重要！** 3730/3730xl DNA Analyzer または 3100/3100-Avant ジェネティック アナライザに接続されているコンピュータ上に SeqScape ソフトウェアをインストールするには、Data Collection ソフトウェアが実行中である必要があります。Data Collection ソフトウェアが稼働していないと、SeqScape が Data Service に登録されません。ソフトウェアの正しいインストール方法の詳細については、第 2 章「はじめに」を参照してください。

**重要！** SeqScape ソフトウェアを最初にインストールした後に、Autoanalysis Manager ソフトウェアを開く必要があります。

## ソフトウェアの関係

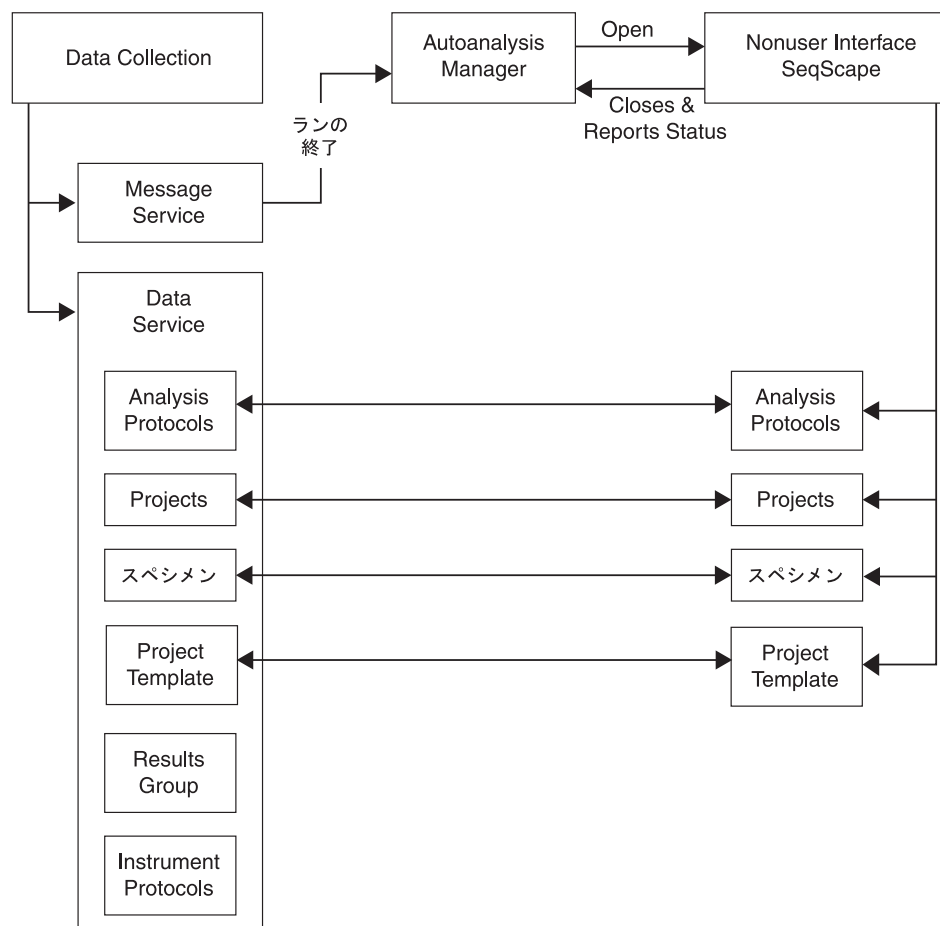


図 11-1 SeqScape と Data Collection ソフトウェアの関係

## 作業を開始する前に

自動解析を成功させるには、次の条件を満たすことが必要です。

- SeqScape ソフトウェアが適切にインストールされていること
- SeqScape ソフトウェアが登録されており、適切なユーザ ID が作成されていること
- Autoanalysis Manager ソフトウェアが稼働していること
- 3730/3730xl または 3100/3100-*Avant* 装置がラン用にセットアップされており、サンプルが調製されていること

3730 Data Collection ソフトウェアのセットアップおよび使用の詳細については、『Applied Biosystems 3730/3730xl Getting Started Guide』（P/N 4347118）を参照してください。

3100 Data Collection ソフトウェアのセットアップおよび使用の詳細については、『ABI PRISM 3100/3100-*Avant* ユーザーガイド』（P/N 4347102）を参照してください。

- Data Collection ソフトウェア プレート レコードのファイルが利用できること  
データの取り込みおよび自動解析を成功させるには、各サンプル ランについて、Instrument Protocol、Analysis Protocol、Results Group がプレート レコードで割り当てられている必要があります。

次の表は、各ファイルで設定する内容を示します。

表 11-1 ファイルの定義

| ファイル                | 説明                                                              | 作成するソフトウェア                                |
|---------------------|-----------------------------------------------------------------|-------------------------------------------|
| Instrument Protocol | 装置のランに必要なすべての情報を含んでいます。                                         | Data Collection ソフトウェア                    |
| Analysis Protocol   | シーケンシング データ解析に必要なすべての情報を含んでいます。                                 | Data Collection ソフトウェアまたは SeqScape ソフトウェア |
| Results Group       | ファイル形式、ファイル名、保存場所、デフォルトの Analysis Protocol、およびユーザ名とパスワードを設定します。 | Data Collection ソフトウェア                    |
| Project Template    | RDG、Analysis Defaults、および Display Settings を含んでいます。             | SeqScape ソフトウェア                           |

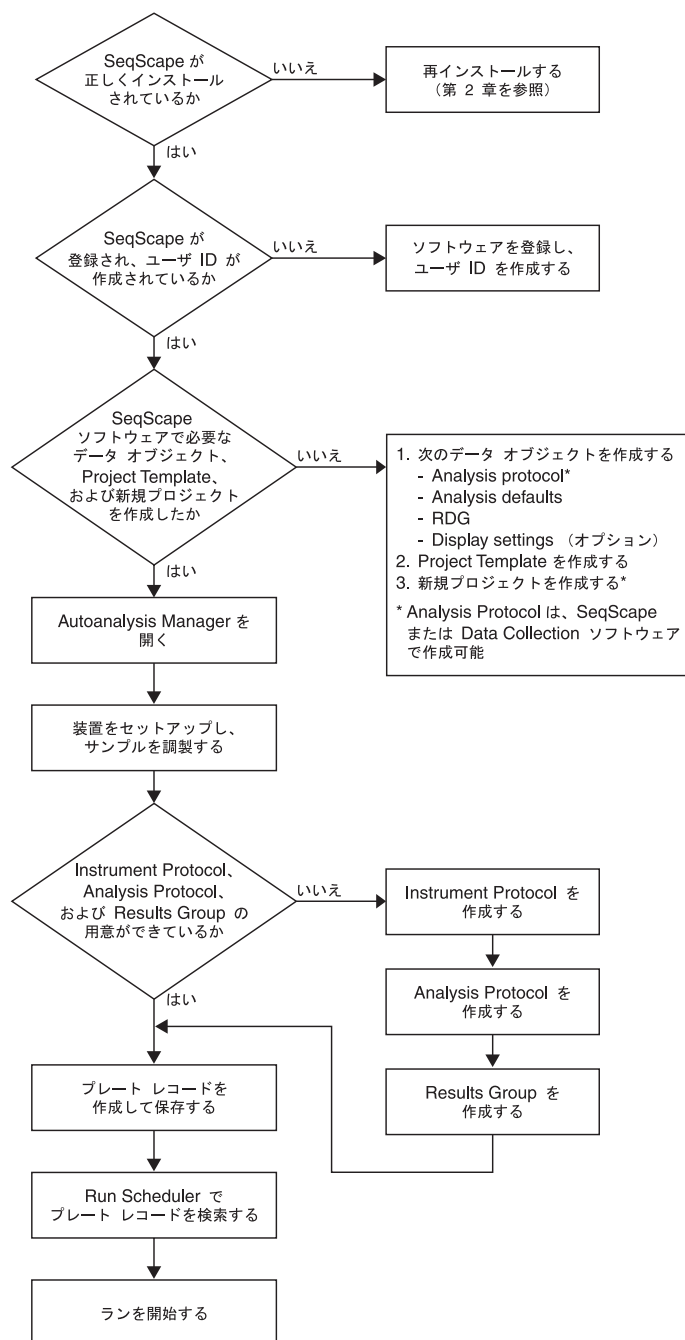


図 11-2 自動解析のワークフロー

## SeqScape ソフトウェアで作成された必要なファイル

Data Collection ソフトウェアで自動解析の設定を行うときに、作成済みのデータ オブジェクトを選択する必要があります。たとえば、Plate Editor で新規プロジェクトを作成するときは、SeqScape ソフトウェアに登録済みの Project Template のみを選択することができます。Plate Editor で Project Template を作成することはできません。

続行する前に、次の作業を行うことをお勧めします。

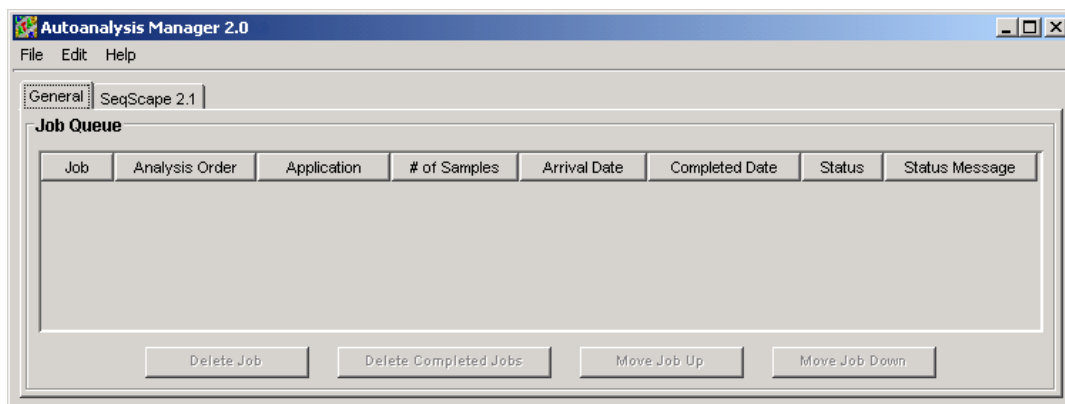
- SeqScape ソフトウェアで必要なデータ オブジェクトを作成する
  - Analysis Protocol を作成します。Analysis Protocol は、SeqScape または Data Collection ソフトウェアで作成することができます。
  - Analysis Defaults を作成し、Analysis Protocol にリンクします。
  - サンプルに基づいてリファレンス データ グループ (RDG) を作成します。
  - Display Settings をカスタマイズするか、デフォルト設定を使用します。
- Project Template を作成し、作成したオブジェクトを関連付ける
- 作成した Project Template に関連付けられた新規プロジェクトを作成する

## Autoanalysis Manger の起動

続行する前に Autoanalysis Manager を起動します。

Autoanalysis Manager を起動するには

1. 「Start」>「Applied Biosystems」>「Autoanalysis Manager」>「Autoanalysis Manager 2.0」を選択します。



**重要！** Autoanalysis Manager および Data Collection ソフトウェアの稼働中は、他のアプリケーションを実行しないでください。Autoanalysis Manager で使用中のプロジェクトは、絶対に開かないでください。



# Data Collection ソフトウェアでの必要なファイルの作成

**詳細な情報** 3730/3730xl DNA Analyzer および 3730 Data Collection ソフトウェアのセットアップおよび使用の詳細については、『Applied Biosystems 3730/3730xl Getting Started Guide』（P/N 4347118）を参照してください。

3100/3100-Avant ジェネティック アナライザおよび 3100 Data Collection ソフトウェアのセットアップおよび使用の詳細については、『ABI PRISM 3100/3100-Avant ユーザーガイド』（P/N 4347102）を参照してください。

**ファイルがすでに存在する場合** 適切な Instrument Protocol、Analysis Protocol、および Results Group がすでに作成されている場合、11-14 ページの「プレート レコードの 作成」へ進んでください。

**Instrument Protocol の作成** 注：このセクションで使用する図は、3730 Data Collection ソフトウェア v2.0 で表示される画面です。

Instrument Protocol を作成するには

1. ナビゲーション ペインで、「Protocol Manager」アイコンをクリックし、Protocol Manager を表示します。

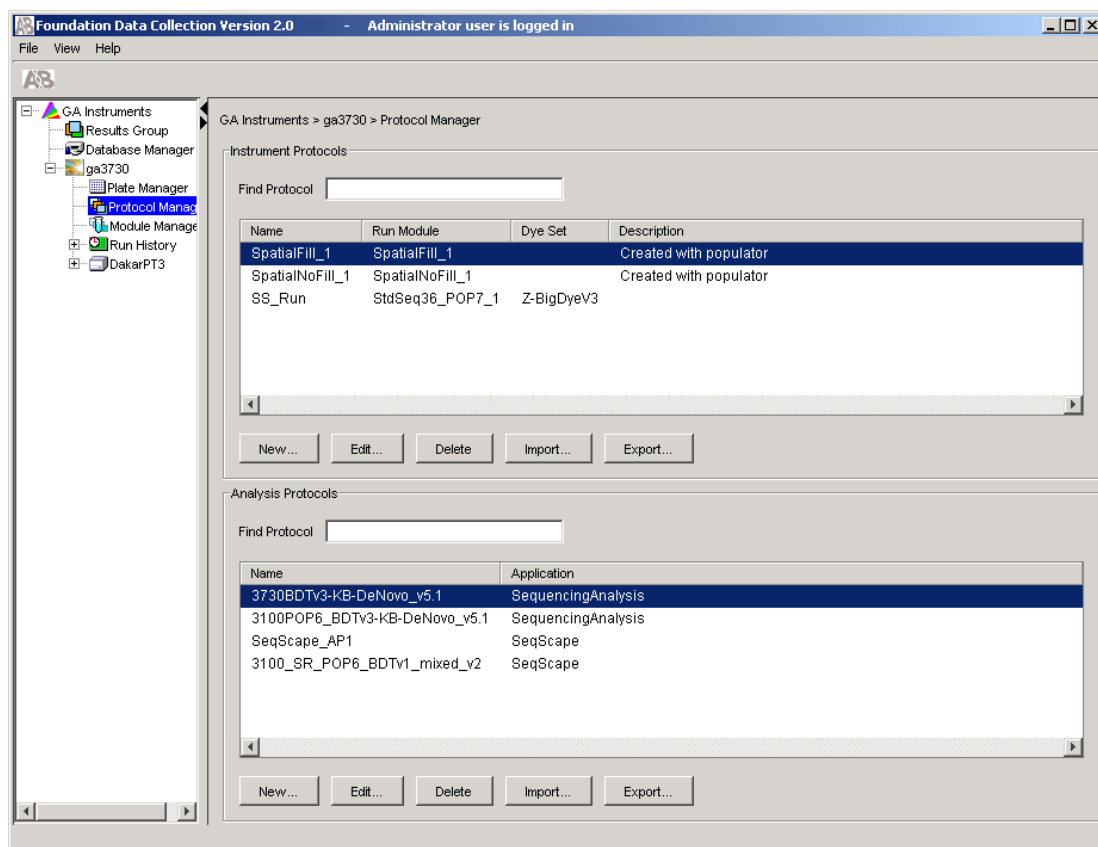
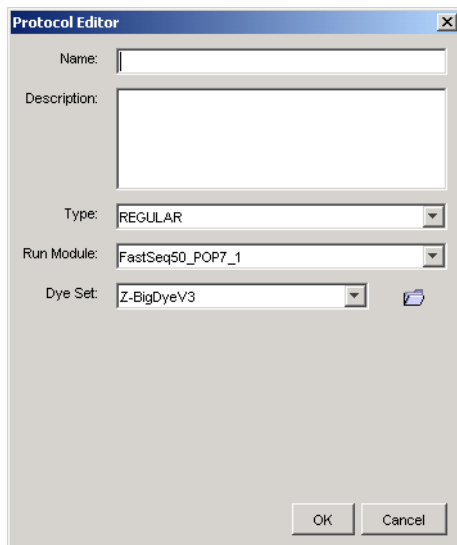


図 11-3 「Protocol Manager」ウィンドウ

2. 「Instruments Protocols」セクションで、「New」をクリックするか、既存の Instrument Protocol ファイルを選択して「Edit」をクリックします。

「Protocol Editor」ダイアログ ボックスが開きます。

The image shows the 'Protocol Editor' dialog box. It has a title bar with 'Protocol Editor' and a close button. Inside, there are several fields: 'Name:' with a text input field, 'Description:' with a larger text area, 'Type:' with a dropdown menu showing 'REGULAR', 'Run Module:' with a dropdown menu showing 'FastSeq50\_POP7\_1', and 'Dye Set:' with a dropdown menu showing 'Z-BigDyeV3'. There is also a small icon to the right of the 'Dye Set' dropdown. At the bottom right, there are 'OK' and 'Cancel' buttons.

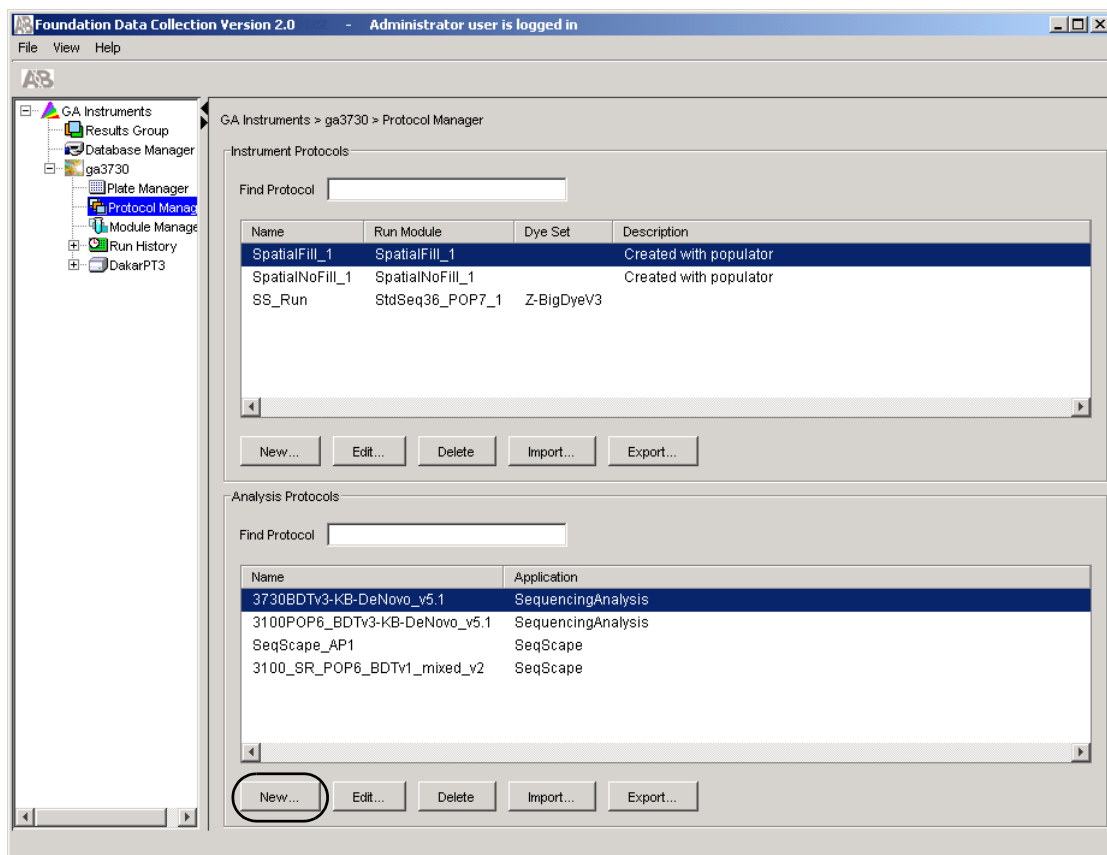
3. 「Protocol Editor」ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. プロトコール名を入力します。
  - b. プロトコールの説明を入力します（オプション）。
  - c. 「Type」ドロップダウン リストで「REGULAR」を選択します。
  - d. 適切なラン モジュールを選択します（適切なラン モジュールの選択の詳細については、該当する装置のユーザ ガイドを参照してください）。
  - e. 適切な Dye Set を選択します（適切な Dye Set の選択の詳細については、該当する装置のユーザ ガイドを参照してください）。
  - f. 「OK」をクリックします。

## Analysis Protocol の作成

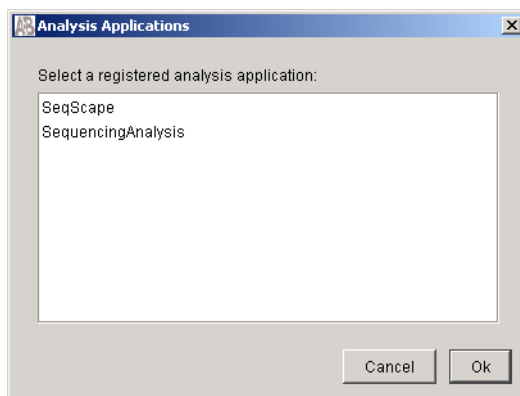
**重要！** SeqScape ソフトウェアで作成した適切な Analysis Protocol は、Data Collection ソフトウェアでも使用できます。必要に応じて、SeqScape ソフトウェアでも Analysis Protocol を作成できます。

### Analysis Protocol を作成するには

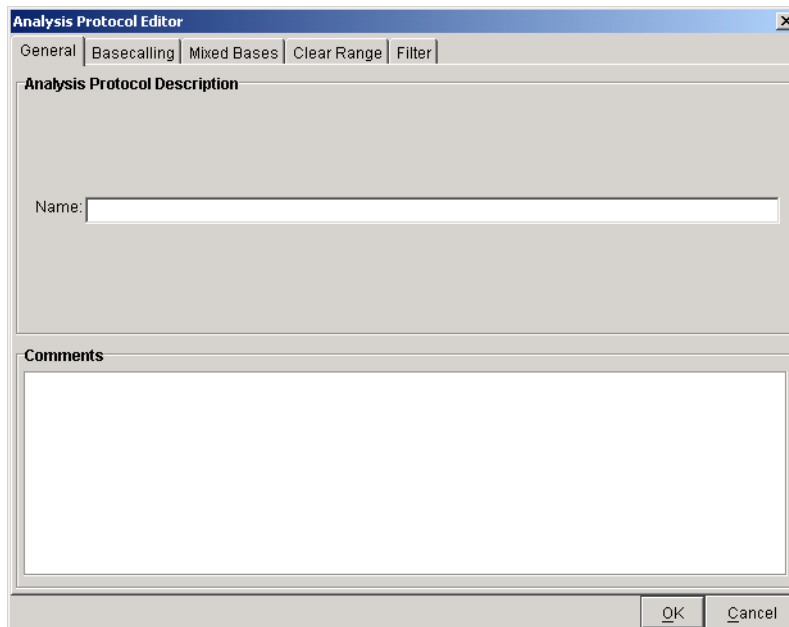
1. Protocol Manager の「Analysis Protocol」セクションで、「New」をクリックします。



データの取り込みを行うコンピュータに 2 つ以上の解析アプリケーションがインストールされている場合、「Analysis Applications」ダイアログ ボックスが開きます。



2. 「SeqScape」を選択し、「OK」をクリックします。  
「Analysis Protocol Editor」ダイアログ ボックスが開きます。



3. 「General」タブで、新規プロトコールの名前と説明を入力します。
4. 「Basecalling」タブを選択し、次の手順を実行します。
  - a. 適切な Basecaller と DyeSet/Primer ファイルを選択します。適切なファイルの選択の詳細については、付録 A「Basecaller と DyeSet/Primer ファイル」を参照してください。  
**重要！** Basecaller と DyeSet/Primer ファイルの種類が一致していることを確認してください。
  - b. 必要に応じて、データ解析の Stop Point を 1 つまたは複数選択します。選択する際は、使用する Basecaller に応じて次の表に従ってください。

| オプション                                | Basecaller |
|--------------------------------------|------------|
| 「At PCR Stop」チェック ボックス               | KB または ABI |
| 「After ___ Ns in ___ bases」チェック ボックス | ABI        |
| 「After ___ Ns」チェック ボックス              | ABI        |
| 「After ___ Bases」チェック ボックス           | KB または ABI |

- c. KB Basecaller の場合のみ、処理データとして True Profile または Flat Profile を選択し、Quality Threshold を選択します。
5. 「Mixed Bases」タブを選択し、次の手順を実行します。  
**注：** この機能は、KB Basecaller でのみ有効です。
  - a. ミックススペースに対してのみ、「Use Mixed Base Identification」を選択します。
  - b. デフォルトの検出レベルである 25% を使用しない場合、新規の値を入力するか、% ラインを上下にドラッグして値を変更します。

6. 「Clear Range」タブを選択します。必要に応じて、データ解析の Stop Point を 1 つまたは複数選択します。

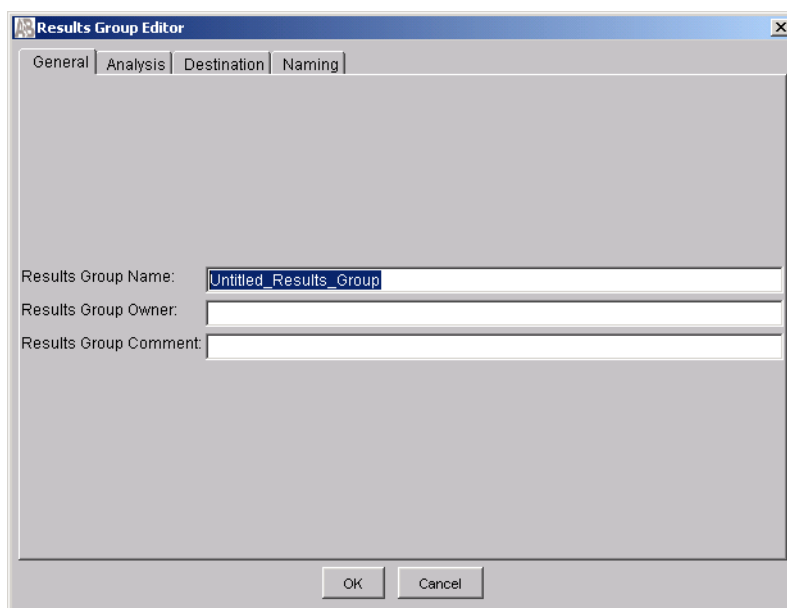
注：Clear Range は、5' と 3' の両末端でクオリティの低いまたはエラーが発生しやすいシーケンスを除外した後に残るシーケンスの領域です。

7. 「Filter」タブを選択します。必要に応じて、設定を 1 つまたは複数変更します。
8. 「OK」を選択してプロトコールを保存し、Analysis Protocol Editor を閉じます。

## Results Group の作成 Results Group を作成するには

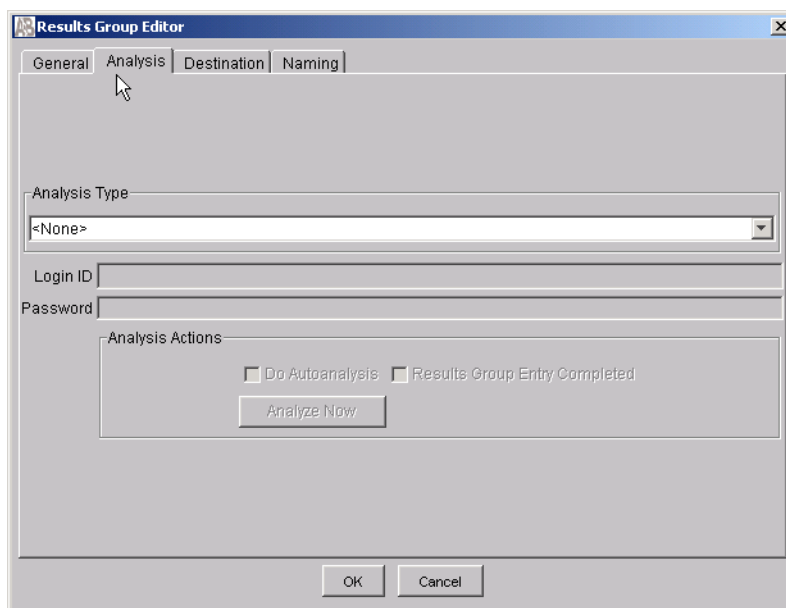
1. ナビゲーション ペインで、「Results Group」アイコンをクリックします。

Results Group Editor が開きます。



2. 「New」をクリックするか、既存のグループを選択して「Edit」をクリックします。
3. 「General」タブで、次の手順を実行します。
  - a. Results Group の名前を入力します。この名前は、サンプル ファイルの名前付けや分類に使用されます。この名前は、固有である必要があります（使用可能な文字のリストについては、2-9 ページの「ファイル命名規則」を参照してください）。
  - b. Results Group のオーナーを入力します。オーナーの名前は、サンプル ファイルの名前付けや分類に使用されます。
  - c. Results Group に対するコメントを入力します（オプション）。

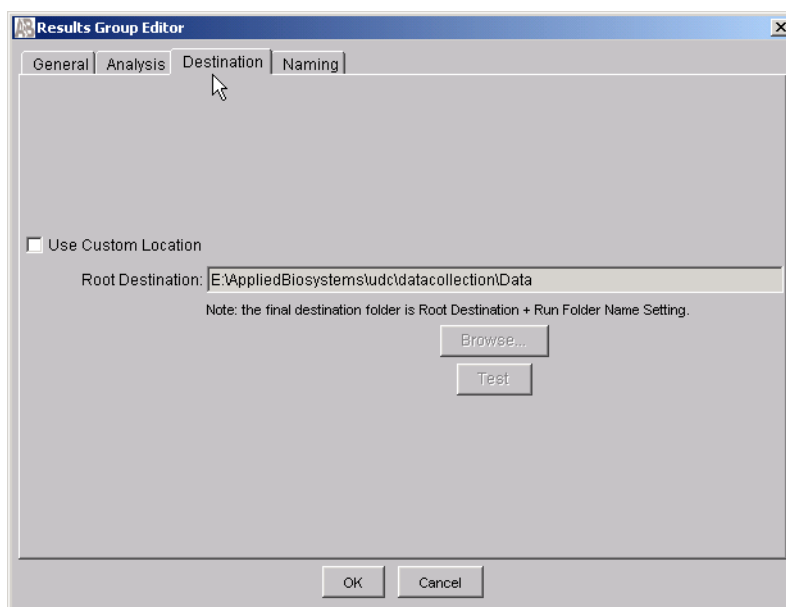
4. 「Analysis」タブを選択します。



5. 「Analysis」タブで、次の手順を実行します。
- 「Analysis Actions」セクションで、「Do Autoanalysis」を選択します。
  - 「Analysis Type」ドロップダウン リストで「SeqScape\_YourInstrumentName」を選択します。
  - テキストボックスに、SeqScape の有効なログイン ID とパスワードを入力します。

**重要！** 適切なログイン ID とパスワードを使用しないと、サンプルの自動解析は実行されません。

6. 「Destination」タブを選択します。

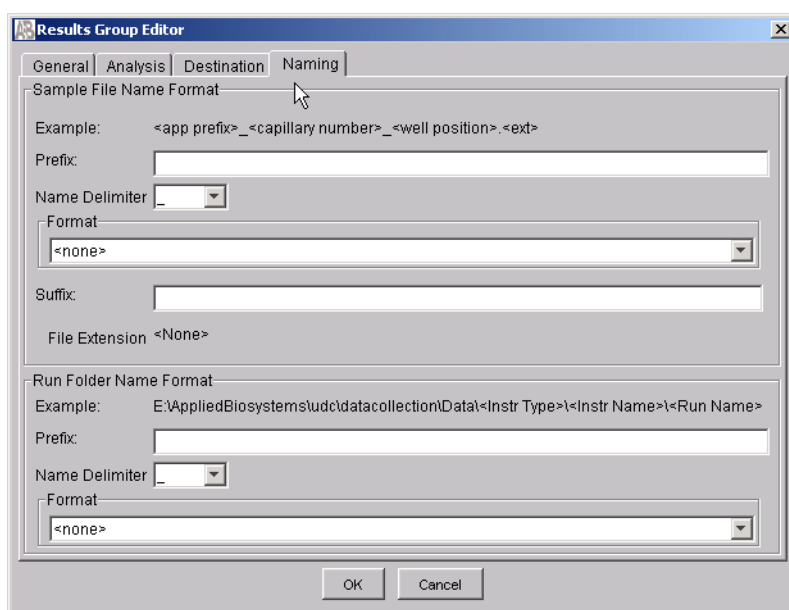


7. 「Destination」タブで、デフォルトの場所を使用しない場合、新規に指定します。

8. 新規の場所を定義するには、次の手順を実行します。
  - a. 「**Use Custom Location**」をクリックし、次に「**Browse**」をクリックして、保存場所の選択肢を表示します。
  - b. 「**Test**」をクリックし、場所（パス名）への接続を試みます。

パス名が正しければ、「Path Name test successful」というメッセージ ボックスが表示されます。

パス名が誤っている場合、「Could not make the connection. Please check that the Path Name is correct」というメッセージ ボックスが表示されます。クリックして、接続を再度試みます。
  - c. 「**OK**」をクリックします。
9. 「**Naming**」タブを選択し、必要に応じてサンプル ファイルおよびラン フォルダのカスタム名を設定します。



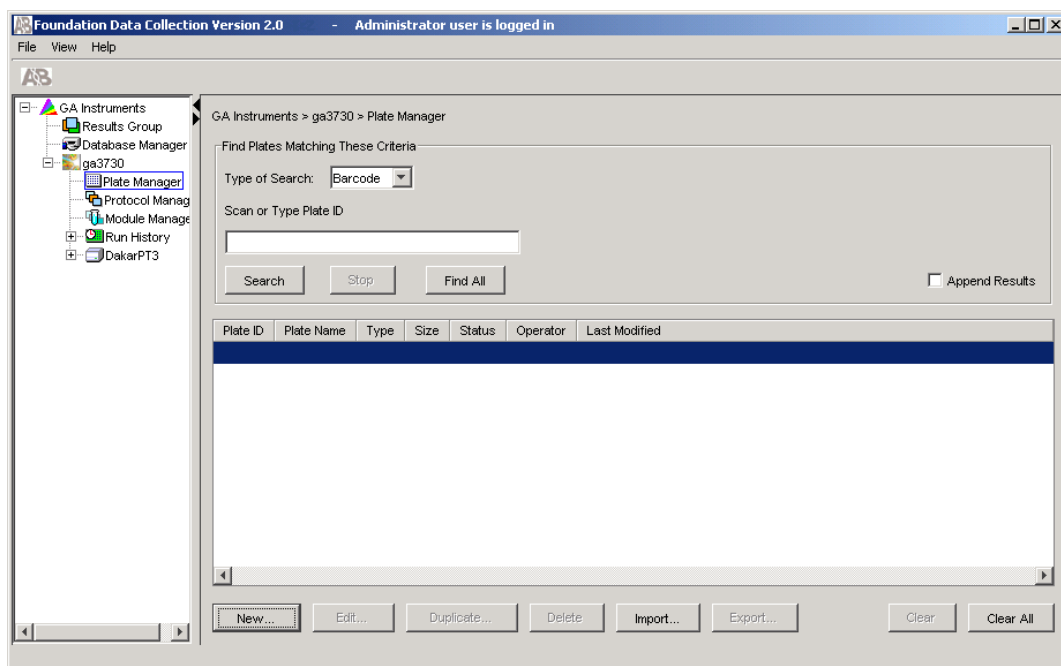
10. 「**OK**」をクリックして Results Group を保存し、Results Group Editor を閉じます。

**注：**プロジェクト内のスペシメンは、サンプル ID 名に存在するデリミッタに基づいて自動的に作成することができます。6-10 ページの図 6-3 を参照してください。

## プレート レコードの 作成

新規プレート レコードを作成するには

1. ナビゲーション ペインで、「Plate Manager」アイコンをクリックします。



2. 「New」をクリックします。

「New Plate Dialog」ダイアログ ボックスが開きます。

3100 または 3100-Avant  
装置では使用できません。



3. 「New Plate Dialog」に情報を入力して完成させます。
  - a. プレート ID を入力します。
  - b. プレート名を入力します。
  - c. プレートの説明を入力します（オプション）。
  - d. 「Application」ドロップダウン リストで「SeqScape\_YourInstrumentName」を選択します。
  - e. 「Plate Type」ドロップダウン リストで、「96-Well」または「384-Well」を選択します。
  - f. 3730/3730xl の場合、384 ウェル プレートのスケジュール パターンを設定します。
  - g. 3730/3730xl の場合、「Plate Sealing」ドロップダウン リストで「Heat Sealing」または「Septa」を選択します。
  - h. オーナーおよびオペレータの名前を入力します。
  - i. 「OK」をクリックします。

SeqScape Plate Editor が開きます（11-15 ページの図 11-4 を参照してください）。

## プレート レコードの 完成

プレート全体で同じスペシメン名を使用するには、  
その名前を入力し、[Ctrl] + [D] キーを使用してカラムを埋めます。

The image shows the SeqScape Plate Editor dialog box. It has a title bar 'SeqScape Plate Editor' and a menu bar 'File Edit'. Below the menu bar are input fields for 'Plate Name' (bap), 'Plate ID' (bap), 'Operator' (bap), and 'Owner' (bap). There is a 'Plate Sealing' dropdown menu set to 'Septa'. Below these fields is a table with columns: 'Well', 'Sample Name', 'Comment', 'Project', 'Project Template', 'Specimen', 'Results Group 1', 'Instrument Protocol 1', and 'Analysis Protocol 1'. The table has rows for wells A01 through F02. At the bottom of the dialog is a 'Description' text box and 'Ok' and 'Cancel' buttons.

図 11-4 未入力の Plate Editor

## プレート レコードを完成させるには

1. サンプル名を入力します。
 

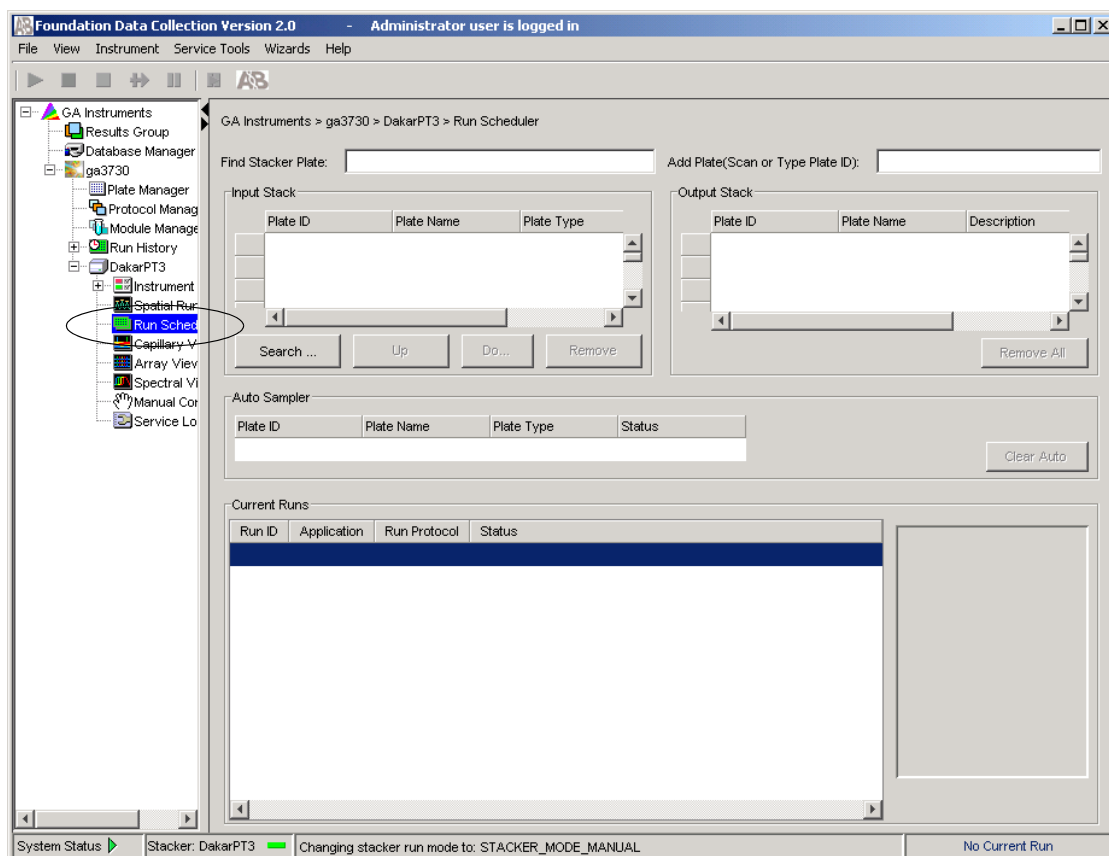
注： 同じスペシメン内で重複したサンプル名を使用することはできません。
2. オプション：コメントを追加します。

3. プロジェクトを選択するか、新規プロジェクトを作成します。  
SeqScape ソフトウェアで以前作成したプロジェクトを選択すると、「Project Template」フィールドに自動的に情報が入力されます。  
Plate Editor で新規プロジェクトを作成する場合、SeqScape ソフトウェアに登録済みの Project Template のみを選択することができます。Plate Editor で Project Template を作成することは**できません**。
4. Project Template を選択します。
5. スペシメンを選択するか、作成します。
6. Results Group を選択するか、新規作成します。
7. Instrument Protocol を選択するか、作成します。
8. Analysis Protocol を選択するか、作成します。
9. プレート レコードにランを追加するには、次の手順を実行します。
  - a. 「Edit」> 「Add Sample Instance」を選択します。
  - b. Results Group、Instrument Protocol、および Analysis Protocol を選択します。
10. 「OK」をクリックします。

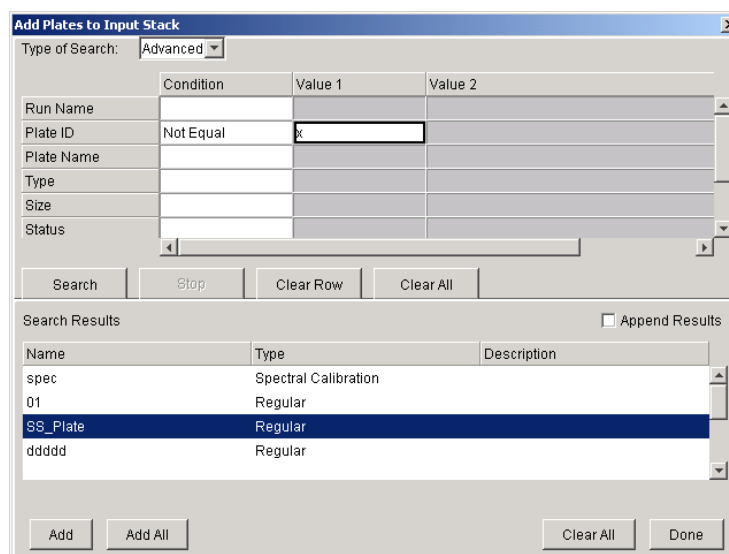
# ランのスケジュールと開始

ランをスケジュールして開始するには

1. ナビゲーション ペインで、「Run Scheduler」アイコンをクリックします。



2. 「Input Stack」セクションで、「Search」をクリックします。  
「Add Plates to Input Stack」ダイアログ ボックスが開きます。



3. 「Add Plates to Input Stack」ダイアログ ボックスを次のとおりに完成させます。
  - a. 「Type of Search」ドロップダウン リストで、「**Advanced**」を選択します。
  - b. プレーットの検索条件を入力し、「**Search**」をクリックします。
  - c. 「Search Results」セクションでプレートを選択し、「**Add**」をクリックします。
  - d. 「**Done**」をクリックします。プレートが「Run Scheduler」ウィンドウの「Current Runs」セクションに表示されます。
4.  (Run) をクリックしてランを開始します。

# Autoanalysis Manager の理解

**概要** 自動解析は、次の順序で実行されます。

1. Data Collection ソフトウェアがランを終了すると、Message Service は「Run Completed」というメッセージを送信します。
2. メッセージを受け取った Autoanalysis Manager は、ジョブをサブミットします。ジョブは「General」タブに表示されます。
3. Autoanalysis Manager は、2 分間隔でジョブを出力し、SeqScape ソフトウェアの自動処理バージョンを起動してプロジェクトのデータを解析します。
4. 解析が終了すると、Autoanalysis Manager のステータスが更新されます。

**重要！** Autoanalysis Manager および Data Collection ソフトウェアの稼働中は、他のアプリケーションを実行しないでください。Autoanalysis Manager で使用中のプロジェクトは、絶対に開かないでください。

**作成されたファイル** Data Collection ソフトウェアでは、サンプル ファイルは Results Group で指定された場所に保存されます。Autoanalysis Manager は、SeqScape ソフトウェアでの処理のためにファイルを DataStore にコピーします。

ハード ドライブに十分な空き容量を確保するには、Data Collection ソフトウェアで作成されたサンプル ファイルを必要ないものから削除します。

**コンポーネント** Autoanalysis Manager は、次の 2 つまたは 3 つのタブで構成されています。

- General
- SeqScape 2.1
- GeneMapper 3.5（ロードした場合）

**「General」タブ** 「General」タブは、サブミットされたジョブと、そのステータスを表示します。

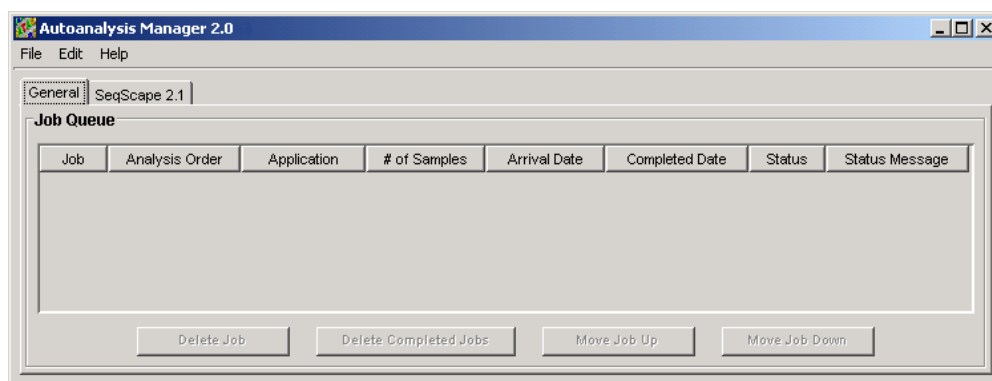


図 11-5 Autoanalysis Manager の「General」タブ

表 11-2 は、「General」タブの各コマンド ボタンの機能について示しています。

表 11-2 「General」タブのコマンド ボタン

| ボタン名                 | 機能                       |
|----------------------|--------------------------|
| Delete Job           | 未完了のジョブを削除します。           |
| Delete Completed Job | 完了したジョブを削除します。           |
| Move Job Up          | 未完了のジョブをキュー内で前の順序に移動します。 |
| Move Job Down        | 未完了のジョブをキュー内で後の順序に移動します。 |

「SeqScape 2.1」タブ 「SeqScape 2.1」タブは、ジョブ、プロジェクト、およびそのステータス情報を表示します。

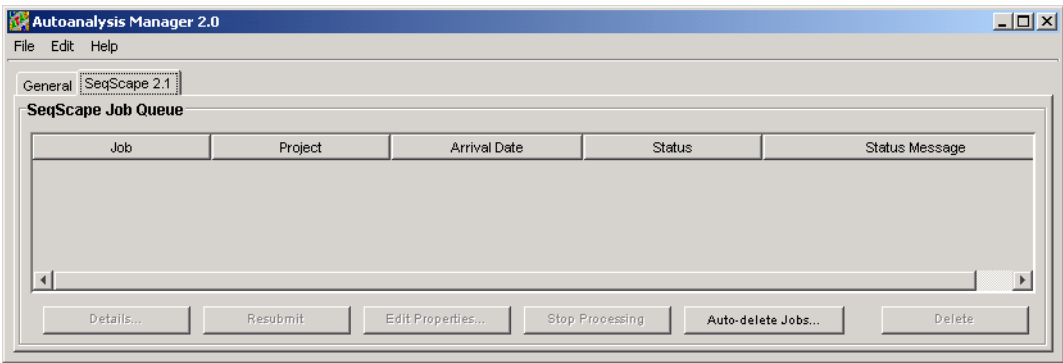
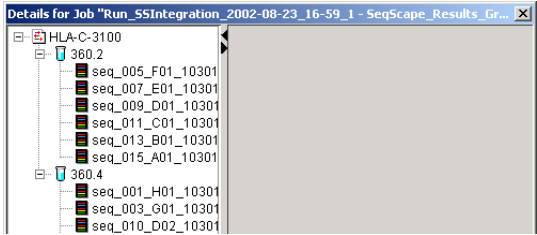


図 11-6 Autoanalysis Manager の「SeqScape 2.1」タブ

表 11-3 は、「SeqScape 2.1」タブの各コマンド ボタンの機能について示しています。

表 11-3 「SeqScape 2.1」タブのコマンド ボタン

| ボタン名             | 機能                                                                                                                |
|------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Details          | ナビゲーション ペインでプロジェクトを表示します。<br> |
| Resubmit         | 失敗したジョブを解析のため再度サブミットします。                                                                                          |
| Edit Properties  | 名前とパスワードを編集します (このボタンは解析が失敗した場合のみアクティブになります)。                                                                     |
| Stop Processing  | 現在のジョブの処理を中断します。ジョブには「失敗」のマークが付けられ、Autoanalysis Manager は次のジョブの処理に進みます。                                           |
| Auto-delete Jobs | 完了したジョブを Autoanalysis Manager から自動的に削除します。<br>このオプションでは、完了したジョブを指定日数後に削除することができます。このオプションを利用すると、ディスク領域を節約できます。    |
| Delete           | Autoanalysis Manager のジョブを削除します。                                                                                  |

# Data Collection ソフトウェアと SeqScape ソフトウェアでのファイルの共有

表 11-4 の「ファイル」という用語は、プロジェクト、Project Templates、スペシメン、および Analysis Protocol を指しています。

表 11-4 ファイル共有の表

| 条件                                                                                                                                  | 結果                                                      | 対処方法                                                                                                                                                                                         |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Data Collection を開いているときに SeqScape ソフトウェアがインストールされた (正しいインストール)</b>                                                              |                                                         |                                                                                                                                                                                              |
| <ul style="list-style-type: none"> <li>SeqScape ソフトウェアで作成されたファイル</li> <li>Data Collection ソフトウェアを開いている</li> </ul>                   | ファイルは両方のアプリケーションに登録され、Data Collection ソフトウェアで使用できます。    | —                                                                                                                                                                                            |
| <ul style="list-style-type: none"> <li>Data Collection ソフトウェアで作成されたファイル</li> <li>SeqScape ソフトウェアを開いている</li> </ul>                   | ファイルは両方のアプリケーションに登録され、SeqScape ソフトウェアで使用できます。           | —                                                                                                                                                                                            |
| <b>Data Collection を閉じているときに SeqScape ソフトウェアがインストールされた (不適切なインストール)</b>                                                             |                                                         |                                                                                                                                                                                              |
| <ul style="list-style-type: none"> <li>SeqScape ソフトウェアまたは Data Collection ソフトウェアで作成されたファイル</li> <li>他のソフトウェアが開いているか閉じている</li> </ul> | SeqScape ソフトウェアは Data Service に登録されず、ソフトウェア間の通信は行われません。 | <ol style="list-style-type: none"> <li>SeqScape ソフトウェアをアンインストールします。</li> <li>Data Collection ソフトウェアを開きます。</li> <li>SeqScape ソフトウェアを再インストールします。</li> <li>ソフトウェアに登録し、ユーザ ID を設定します。</li> </ol> |





# Basecaller と DyeSet/Primer ファイル

---

# A

この付録では、次の項目について説明します。

|                                                        |      |
|--------------------------------------------------------|------|
| 定義と命名 .....                                            | A-2  |
| ABI Prism 310 ジェネティック アナライザ ファイル .....                 | A-5  |
| ABI Prism 377 DNA Sequencer ファイル .....                 | A-7  |
| ABI Prism 3100 ジェネティック アナライザ ファイル .....                | A-8  |
| ABI Prism 3100-Avant ジェネティック アナライザ ファイル .....          | A-10 |
| ABI Prism 3700 DNA Analyzer ファイル .....                 | A-12 |
| Applied Biosystems 3730/3730xl DNA Analyzer ファイル ..... | A-13 |

## 定義と命名

### Basecaller アルゴリズム

Basecaller は、解析中にシーケンスの塩基を決定するアルゴリズムです。Basecaller には、次の 2 つのタイプがあります。

- KB Basecaller – ミックス ベースまたは単一の塩基、および Quality Values を計算するアルゴリズム
- ABI Basecaller– ABI PRISM® Sequencing Analysis ソフトウェアおよび ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェアの旧バージョンで使用されるアルゴリズム

### DyeSet/Primer ファイル

DyeSet/Primer ファイルは、蛍光色素とプライマー間のモビリティの差を補正し、DNA の標識に使用されるケミストリの種類に応じてカラーコードの変更を修正します。DyeSet/Primer ファイルは、モビリティ ファイルとも呼ばれます。

### DyeSet/Primer ファイル名規約

DyeSet/Primer ファイルには、次のファイル名規約が使用されます。

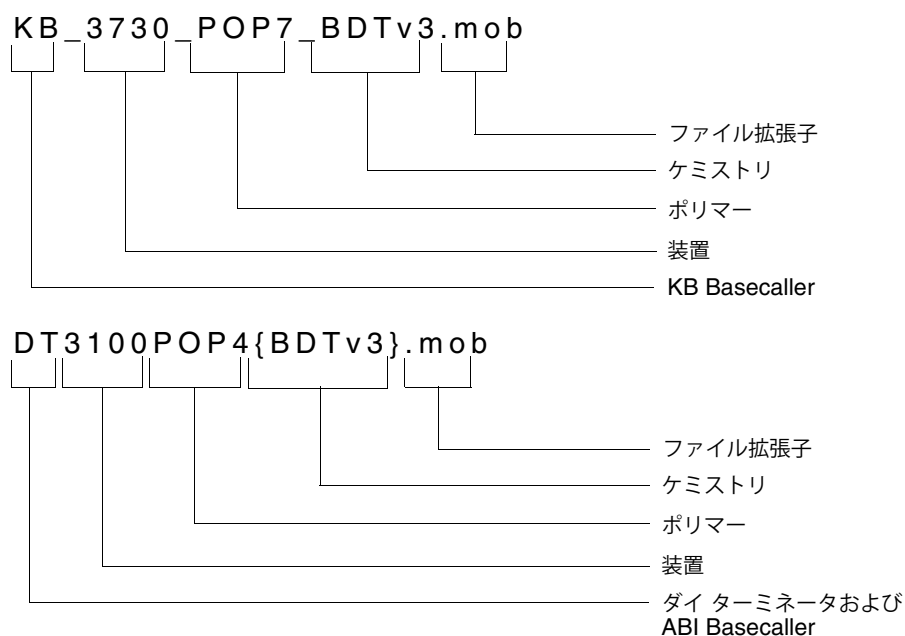


図 A-1 DyeSet/Primer ファイル名規約の例

DyeSet/Primer ファイル名では、表 A-1 に示す文字の組合せを使用して、Basecaller、装置、ケミストリ、およびポリマーの種類を示します。

表 A-1 DyeSet/Primer ファイル名

| 省略形                 | ラン                                               |
|---------------------|--------------------------------------------------|
| <b>Basecaller</b>   |                                                  |
| KB                  | KB Basecaller                                    |
| DP                  | ダイ プライマー ケミストリおよび ABI Basecaller                 |
| DT                  | ダイ ターミネータ ケミストリおよび ABI Basecaller                |
| <b>ポリマーまたはゲルの種類</b> |                                                  |
| 5%LR                | 5% Long Ranger ゲル (377 のみ)                       |
| POP4                | ABI PRISM® POP-4™ ポリマー                           |
| POP5                | ABI PRISM® POP-5™ ポリマー                           |
| POP6                | ABI PRISM® POP-6™ ポリマー                           |
| POP7                | ABI PRISM® POP-7™ ポリマー                           |
| <b>ケミストリ</b>        |                                                  |
| BDTv3               | ABI PRISM® BigDye® v3.0 および 3.1 Terminator ケミストリ |
| {BDv3}              |                                                  |
| {BDv1}              | ABI PRISM® BigDye® v1.0 および 1.1 Terminator ケミストリ |
| {BD}                |                                                  |
| {-21M13}            | ダイ プライマー ケミストリ – -21M13 プライマーに標識されています。          |
| {M13Rev}            | ダイ プライマー ケミストリ – M13 Reverse プライマーに標識されています。     |

## Basecaller と DyeSet/Primer の 互換性

DyeSet/Primer ファイルは、使用しているケミストリおよび Basecaller の種類と一致している必要があります。

注：DyeSet/Primer ファイルは、選択した Basecaller に基づいてフィルタリングされます。

**重要！** ただし、DyeSet/Primer ファイルを選択してから Basecaller ファイルを選択すると、Basecaller リストのフィルタ処理は実行されません。解析用に KB DyeSet/Primer ファイルと ABI Basecaller または DT DyeSet/Primer ファイルと KB Basecaller を選択した場合、次のエラー ダイアログ ボックスが開きます（図 A-2 および 図 A-3 を参照してください）。

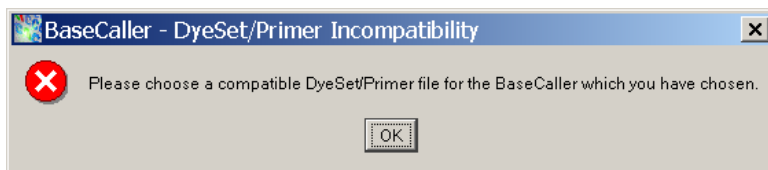


図 A-2 Sample Manager のエラー メッセージ

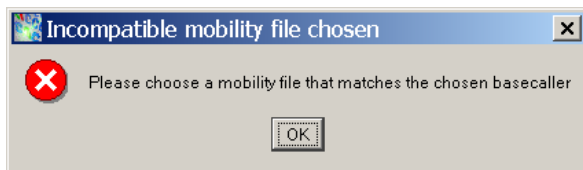


図 A-3 Analysis Protocol のエラー メッセージ

# ABI PRISM 310 ジェネティック アナライザ ファイル

注：キャピラリー アレイ長 47 cm = リード長 36 cm  
キャピラリー アレイ長 61 cm = リード長 50 cm

表 A-2 ダイ ターミネータ ケミストリに使用される 310 Basecaller と DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                              | キャピラリー<br>アレイ長 (cm) | Basecaller             | DyeSet/Primer                                                |
|------------------------------------------------|---------------------|------------------------|--------------------------------------------------------------|
| KB Basecalling                                 |                     |                        |                                                              |
| ABI PRISM® BigDye® Terminator<br>v1.0 および v1.1 | 47                  | KB.bcp                 | KB_310_POP4_BDTV1_36Rapid.mob<br>KB_310_POP4_BDTV1_36Std.mob |
|                                                | 47                  | KB.bcp                 | KB_310_POP6_BDTV1_36Rapid.mob                                |
|                                                | 61                  |                        | KB_310_POP6_BDTV1_50Std.mob                                  |
| ABI PRISM® BigDye® Terminator<br>v3.0 および v3.1 | 47                  | KB.bcp                 | KB_310_POP4_BDTV3_36Rapid.mob<br>KB_310_POP4_BDTV3_36Std.mob |
|                                                | 47                  | KB.bcp                 | KB_310_POP6_BDTV3_36Rapid.mob                                |
|                                                | 61                  |                        | KB_310_POP6_BDTV3_50Std.mob                                  |
| ABI Basecalling                                |                     |                        |                                                              |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v1.0 および v1.1   | 47                  | Basecaller-310POP4.bcp | DT310POP4{BD}v2.mob                                          |
|                                                | 47                  | Basecaller-310POP6.bcp | DT310POP6{BD}.mob                                            |
|                                                | 61                  |                        | DT310POP6{BD-LR}v3.mob                                       |
| ABI PRISM®dRhodamine<br>Terminator             | 47                  | Basecaller-310POP4.bcp | DT310POP4{dRhod}v1.mob                                       |
|                                                | 47                  | Basecaller-310POP6.bcp | DT310POP6{dRhod}v2.mob                                       |
|                                                | 61                  |                        |                                                              |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v3.0 および v3.1   | 47                  | Basecaller-310POP4.bcp | DT310POP4{BDv3}v2.mob                                        |
|                                                | 47                  | Basecaller-310POP6.bcp | DT310POP6{BDv3}v2.mob                                        |
|                                                | 61                  |                        |                                                              |

表 A-3 ダイ プライマー ケミストリに使用される 310 Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                          | キャピラリー<br>アレイ長 (cm) | Basecaller             | DyeSet/Primer                                               |
|--------------------------------------------|---------------------|------------------------|-------------------------------------------------------------|
| ABI Basecaller                             |                     |                        |                                                             |
| ABI PRISM® BigDye® Primer v1.0<br>および v1.1 | 47                  | Basecaller-310POP4.bcp | DP310POP4{BD-21M13}v1.mob<br>DP310POP4{M13Rev}v1.mob        |
|                                            | 47                  | Basecaller-310POP6.bcp | DP310POP6{BD-21M13}v1.mob<br>DP310POP6{M13Rev}v1.mob        |
|                                            | 61                  |                        |                                                             |
| ABI PRISM BigDye® Primer v3.0<br>および v3.1  | 47                  | Basecaller-310POP4.bcp | DP310POP4{BDv3-21M13}v1.mob<br>DP310POP4{BDv3-M13Rev}v1.mob |
|                                            | 47                  | Basecaller-310POP6.bcp | DP310POP6{BDv3-21M13}v1.mob<br>DP310POP6{BDv3-M13Rev}v1.mob |
|                                            | 61                  |                        |                                                             |

# ABI PRISM 377 DNA Sequencer ファイル

表 A-4 ダイターミネータケミストリに使用される 377 Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                                                                                                                         | WTR (cm)/<br>スキャンレート<br>(スキャン/時) | Basecaller           | DyeSet/Primer       |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------|----------------------|---------------------|
| ABI Basecalling                                                                                                                           |                                  |                      |                     |
| <ul style="list-style-type: none"> <li>ABI PRISM BigDye Terminator v1.0 および v1.1</li> <li>ABI PRISM dGTP BigDye Terminator</li> </ul>     | 36/2400                          | Basecaller-377.bcp   | DT377(BD).mob       |
|                                                                                                                                           | 36 & 48/1200                     | Basecaller-377LR.bcp |                     |
| ABI PRISM dRhodamine Terminator                                                                                                           | 36/2400                          | Basecaller-377.bcp   | DT377(dRhod).mob    |
|                                                                                                                                           | 36 & 48/1200                     | Basecaller-377LR.bcp |                     |
| <ul style="list-style-type: none"> <li>ABI PRISM BigDye Terminator v3.0 および 3.1</li> <li>ABI PRISM dGTP BigDye v3.0 Terminator</li> </ul> | 36/2400                          | Basecaller-377.bcp   | DT377(BDv3)v2.mob   |
|                                                                                                                                           | 36 & 48/1200                     | Basecaller-377LR.bcp |                     |
|                                                                                                                                           |                                  |                      | DT377LR(BDv3)v1.mob |

表 A-5 ダイプライマー ケミストリに使用される 377 Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                     | WTR (cm)/<br>スキャンレート<br>(スキャン/時) | Basecaller           | DyeSet/Primer              |
|---------------------------------------|----------------------------------|----------------------|----------------------------|
| ABI Basecalling                       |                                  |                      |                            |
| ABI PRISM BigDye Primer v1.0 および v1.1 | 36/2400                          | Basecaller-377.bcp   | DP377-5%LR(BD-21M13).mob   |
|                                       | 36 & 48/1200                     | Basecaller-377LR.bcp | DP377-5%LR(BD-M13Rev).mob, |
| ABI PRISM BigDye Primer v3.0 および 3.1  | 36/2400                          | Basecaller-377.bcp   | DP377(BDv3-21M13)v1.mob    |
|                                       | 36 & 48/1200                     | Basecaller-377LR.bcp | DP377(BDv3-M13Rev)v1.mob   |

## ABI PRISM 3100 ジェネティック アナライザ ファイル

表 A-6 ダイ ターミネータ ケミストリに使用される 3100 Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                                                                          | キャピタリ<br>アレイ長 (cm) | Basecaller                     | DyeSet/Primer               |
|--------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------|--------------------------------|-----------------------------|
| KB Basecalling                                                                             |                    |                                |                             |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v1.0 および v1.1                                               | 36: ultra rapid    | KB.bcp                         | KB_3100_POP4_BDTv1.mob      |
|                                                                                            | 50: std read       |                                |                             |
|                                                                                            | 80: long read      |                                |                             |
|                                                                                            | 36: rapid read     | KB.bcp                         | KB_3100_POP6_BDTv1.mob      |
|                                                                                            | 50: std read       |                                |                             |
|                                                                                            |                    |                                |                             |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v3.0 および v3.1                                               | 36: ultra rapid    | KB.bcp                         | KB_3100_POP4_BDTv3_.mob     |
|                                                                                            | 50: std read       |                                |                             |
|                                                                                            | 80: long read      |                                |                             |
|                                                                                            | 36: rapid read     | KB.bcp                         | KB_3100_POP6_BDTv3.mob      |
|                                                                                            | 50: std read       |                                |                             |
|                                                                                            |                    |                                |                             |
| ABI Basecalling                                                                            |                    |                                |                             |
| • ABI PRISM BigDye Terminator<br>v1.0 および v1.1<br>• ABI PRISM dGTP BigDye<br>Terminator    | 36: ultra rapid    | Basecaller-3100POP4UR.bcp      | DT3100POP4LR{BD}v1.mob      |
|                                                                                            | 80: long read      | Basecaller-3100POP4_80cmv3.bcp |                             |
|                                                                                            |                    | 36: rapid read                 | Basecaller-3100POP6RRv2.bcp |
| 50: std read                                                                               |                    | Basecaller-3100POP6SR.bcp      |                             |
| • ABI PRISM BigDye Terminator<br>v3.0 および 3.1<br>• ABI PRISM dGTP BigDye<br>v3.0Terminator |                    | 36: ultra rapid                | Basecaller-3100POP4UR.bcp   |
|                                                                                            | 80: long read      | Basecaller-3100POP4_80cmv3.bcp |                             |
|                                                                                            |                    | 36: rapid read                 | Basecaller-3100POP6RRv2.bcp |
| 50: std read                                                                               |                    | Basecaller-3100POP6SR.bcp      |                             |
|                                                                                            |                    |                                |                             |



表 A-6 ダイ ターミネーター ケミストリに使用される 3100 Basecaller および DyeSet/Primer ファイル (続き)

| DNA シーケンシング ケミストリ                  | キャピラリー<br>アレイ長 (cm) | Basecaller                     | DyeSet/Primer           |
|------------------------------------|---------------------|--------------------------------|-------------------------|
| ABI Basecalling                    |                     |                                |                         |
| ABI PRISM dRhodamine<br>Terminator | 36: ultra rapid     | Basecaller-3100POP4UR.bcp      | DT3100POP4{dRhod}v2.mob |
|                                    | 80: long read       | Basecaller-3100POP4_80cmv3.bcp |                         |
|                                    | 36: rapid read      | Basecaller-3100POP6RRv2.bcp    | DT3100POP6{dRhod}v2.mob |
|                                    | 50: std read        | Basecaller-3100POP6SR.bcp      |                         |

表 A-7 ダイ プライマー ケミストリに使用される 3100 Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                         | キャピラリー<br>アレイ長 (cm) | Basecaller                     | DyeSet/Primer                 |
|-------------------------------------------|---------------------|--------------------------------|-------------------------------|
| ABI Basecalling                           |                     |                                |                               |
| ABI PRISM BigDye Primer v1.0<br>および v1.1  | 36: rapid read      | Basecaller-3100POP6RRv2.bcp    | DP3100POP6{BD-21M13}v1.mob    |
|                                           | 50: std read        | Basecaller-3100POP6SR.bcp      | DP3100POP6{BD-M13Rev}v1.mob   |
| ABI PRISM BigDye Primer v3.0<br>および 3.1   | 36: rapid read      | Basecaller-3100POP6RRv2.bcp    | DP3100POP6{BDv3-21M13}v1.mob  |
|                                           | 50: std read        | Basecaller-3100POP6SR.bcp      | DP3100POP6{BDv3-M13Rev}v1.mob |
| ABI PRISM BigDye v3 Primer<br>(すべてのプライマー) | 36: ultra rapid     | Basecaller-3100POP4UR.bcp      | DP3100POP4{BDv3}v1.mob        |
|                                           | 80: long read       | Basecaller-3100POP4_80cmv3.bcp |                               |

## ABI PRISM 3100-Avant ジェネティック アナライザ ファイル

表 A-8 ダイ ターミネータ ケミストリに使用される 3100-Avant Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                            | キャピタリ<br>アレイ長 (cm)              | Basecaller                      | DyeSet/Primer           |                        |
|----------------------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|-------------------------|------------------------|
| KB Basecalling                               |                                 |                                 |                         |                        |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v1.0 および v1.1 | 36: ultra rapid                 | KB.bcp                          | KB_3100_POP4_BDTv1.mob  |                        |
|                                              | 50: std read                    |                                 |                         |                        |
|                                              | 80: long read                   |                                 |                         |                        |
|                                              | 36: rapid read                  | KB.bcp                          |                         | KB_3100_POP6_BDTv1.mob |
|                                              | 50: std read                    |                                 |                         |                        |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v3.0 および v3.1 | 36: ultra rapid                 | KB.bcp                          | KB_3100_POP4_BDTv3_.mob |                        |
|                                              | 50: std read                    |                                 |                         |                        |
|                                              | 80: long read                   |                                 |                         |                        |
|                                              | 36: rapid read                  | KB.bcp                          |                         | KB_3100_POP6_BDTv3.mob |
|                                              | 50: std read                    |                                 |                         |                        |
| ABI Basecalling                              |                                 |                                 |                         |                        |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v1.0 および v1.1 | 36: ultra rapid                 | Basecaller-3100APOP4UR.bcp      | DT3100POP4LR{BD}v1.mob  |                        |
|                                              | 80: long read                   | Basecaller-3100APOP4_80cmv3.bcp |                         |                        |
|                                              | 36: rapid read                  | Basecaller-3100APOP6RRv2.bcp    |                         | DT3100POP6{BD}v2.mob   |
|                                              | 50: std run                     | Basecaller-3100APOP6SR.bcp      |                         |                        |
|                                              | 36: ultra rapid                 | Basecaller-3100APOP4UR.bcp      |                         |                        |
| 80: long read                                | Basecaller-3100APOP4_80cmv3.bcp |                                 |                         |                        |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v3.0 および 3.1  | 36: rapid read                  | Basecaller-3100APOP6RRv2.bcp    | DT3100POP6{BDv3}v1.mob  |                        |
|                                              | 50: std run                     | Basecaller-3100APOP6SR.bcp      |                         |                        |
|                                              | 36: rapid read                  | Basecaller-3100APOP6RRv2.bcp    |                         |                        |

表 A-8 ダイ ターミネータ ケミストリに使用される 3100-Avant Basecaller および DyeSet/Primer ファイル (続き)

| DNA シーケンシング ケミストリ                  | キャピラリー<br>アレイ長 (cm) | Basecaller                      | DyeSet/Primer           |
|------------------------------------|---------------------|---------------------------------|-------------------------|
| ABI Basecalling                    |                     |                                 |                         |
| ABI PRISM dRhodamine<br>Terminator | 36: ultra rapid     | Basecaller-3100APOP4UR.bcp      | DT3100POP4{dRhod}v2.mob |
|                                    | 80: long read       | Basecaller-3100APOP4_80cmv3.bcp |                         |
|                                    | 36: rapid read      | Basecaller-3100APOP6RRv2.bcp    | DT3100POP6{dRhod}v2.mob |
|                                    | 50: std run         | Basecaller-3100APOP6SR.bcp      |                         |

ABI PRISM 3700 DNA Analyzer ファイル

表 A-9 ダイ ターミネータ ケミストリに使用される 3700 Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                           | キャピラリー<br>アレイ長 (cm) | Basecaller                | DyeSet/Primer           |
|---------------------------------------------|---------------------|---------------------------|-------------------------|
| ABI Basecalling                             |                     |                           |                         |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v1.0 および 1.1 | 50                  | Basecaller-3700POP6.bcp   | DT3700POP6{BD}v5.mob    |
|                                             |                     | Basecaller-3700POP5LR.bcp | DT3700POP5{BD}v3.mob    |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v3.0 および 3.1 | 50                  | Basecaller-3700POP6.bcp   | DT3700POP6{BDv3}v1.mob  |
|                                             |                     | Basecaller-3700POP5LR.bcp | DT3700POP5{BDv3}v1.mob  |
| ABI PRISM dRhodamine<br>Terminator          | 50                  | Basecaller-3700POP6.bcp   | DT3700POP6{dRhod}v3.mob |
|                                             |                     | Basecaller-3700POP5LR.bcp | DT3700POP5{dRhod}v1.mob |

表 A-10 ダイ プライマー ケミストリに使用される 3700 Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                        | キャピラリー<br>アレイ長 (cm) | Basecaller                | DyeSet/Primer                 |
|------------------------------------------|---------------------|---------------------------|-------------------------------|
| ABI Basecalling                          |                     |                           |                               |
| ABI PRISM BigDye Primer v1.0<br>および v1.1 | 50                  | Basecaller-3700POP6.bcp   | DP3700POP6{BD-21M13}v3.mob    |
|                                          |                     | Basecaller-3700POP5LR.bcp | DP3700POP6{BD-M13Rev}v2.mob   |
| ABI PRISM BigDye Primer v3.0<br>および v3.1 | 50                  |                           | DP3700POP5{BD-21M13}v1.mob    |
|                                          |                     |                           | DP3700POP5{BD-M13Rev}v1.mob   |
|                                          |                     | Basecaller-3700POP6.bcp   | DP3700POP6{BDv3-21M13}v1.mob  |
|                                          |                     | Basecaller-3700POP5LR.bcp | DP3700POP6{BDv3-M13Rev}v1.mob |

# Applied Biosystems 3730/3730xl DNA Analyzer ファイル

表 A-11 ダイターミネータ ケミストリに使用される 3730/3730xl Basecaller および DyeSet/Primer ファイル

| DNA シーケンシング ケミストリ                            | キャピラリー<br>アレイ長 (cm) | Basecaller                | DyeSet/Primer          |
|----------------------------------------------|---------------------|---------------------------|------------------------|
| KB Basecalling                               |                     |                           |                        |
| ABI PRISM BigDye v3.0 Terminator             | すべての長さ              | KB.bcp                    | KB_3730_POP7_BDTv3.mob |
| ABI PRISM BigDye Terminator                  | すべての長さ              | KB.bcp                    | KB_3730_POP7_BDTv1.mob |
| ABI Basecalling                              |                     |                           |                        |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v1.0 および v1.1 | 36: rapid read      | Basecaller-3730POP7RR.bcp | DT3730POP7{BD}.mob     |
|                                              | 36: std read        | Basecaller-3730POP7SR.bcp |                        |
|                                              | 50: long read       | Basecaller-3730POP7LR.bcp |                        |
| ABI PRISM BigDye Terminator<br>v3.0 および v3.1 | 36: rapid read      | Basecaller-3730POP7RR.bcp | DT3730POP7{BDv3}.mob   |
|                                              | 36: std read        | Basecaller-3730POP7SR.bcp |                        |
|                                              | 50: long read       | Basecaller-3730POP7LR.bcp |                        |



## よくある質問（FAQ）

---

この付録では、次の項目について説明します。

|                                             |      |
|---------------------------------------------|------|
| アップグレードに関する FAQ.....                        | B-2  |
| トレーニングと資料に関する FAQ.....                      | B-2  |
| SeqScape ソフトウェアの基礎に関する FAQ.....             | B-3  |
| SeqScape ソフトウェアの全般に関する FAQ.....             | B-4  |
| SeqScape Manager に関する FAQ.....              | B-7  |
| ライブラリに関する FAQ.....                          | B-12 |
| ミューテーション、バリエーション、HIM、HFM の検出に関する FAQ.....   | B-13 |
| データ解析に関する FAQ.....                          | B-13 |
| アナリシス レポートに関する FAQ.....                     | B-15 |
| Quality Value に関する FAQ.....                 | B-16 |
| 結果の印刷とエクスポートに関する FAQ.....                   | B-17 |
| オーディット トレール、セキュリティ、アクセス コントロールに関する FAQ..... | B-18 |

## アップグレードに関する FAQ

ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェア v2.1 は、4 つのバージョンで提供されています。2-4 ページの「SeqScape ソフトウェアのバージョン」を参照してください。

表 B-1 アップグレードに関する質問と回答

| 質問                                                                                             | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| SeqScape ソフトウェア v2.1 と v2.0 の違いは？                                                              | 第 1 章「ABI Prism SeqScape ソフトウェアの概要」を参照してください。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| SeqScape ソフトウェアをアップグレードすると、既存のデータはどうなりますか？<br>SeqScape ソフトウェア v2.1 をインストールした場合、既存のデータはどうなりますか？ | SeqScape ソフトウェア v2.1 のアップグレード バージョンをインストールすると、SeqScape ソフトウェア v1.0、v1.1、または v1.1 のデータは、Data Store のバックアップ フォルダに保存されます。このフォルダには、以前インストールされていた SeqScape ソフトウェアのバージョンに従って名前が付けられます（すなわち、Data v1.0 や Data v1.1）。また、既存の Data Store の内容は、すべて新しい Data Store にコピーされます。<br><br>SeqScape ソフトウェア v2.1 のフル バージョンをインストールする場合、まず SeqScape ソフトウェアの以前のバージョンで SeqScape Manager からデータ オブジェクトをエクスポートし、次に SeqScape ソフトウェア v2.1 にインポートする必要があります。 |
| SeqScape ソフトウェアのフル バージョンにアップグレードした場合、デモ バージョンで作成したデータはどうなりますか？                                 | 30 日間限定のデモ バージョンが期限切れになる前に、このバージョンで作成したデータをエクスポートしてから、SeqScape ソフトウェア v2.1 をインストールする必要があります。その後、このデータを SeqScape ソフトウェア v2.1 のフル バージョンにインポートしてください。<br><br>エクスポートするには、「SeqScape Manager」ウィンドウから希望のオブジェクトを選択し、「 <b>Export</b> 」をクリックします。オブジェクトを SeqScape ソフトウェア v2.1 のフル バージョンにインポートするには、SeqScape Manager を使用します。                                                                                                             |

## トレーニングと資料に関する FAQ

表 B-2 トレーニングと資料に関する質問と回答

| 質問                                       | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| SeqScape ソフトウェアのトレーニングはどのような方法で行えますか？    | SeqScape ソフトウェアのトレーニングを行う最善の方法は、ソフトウェア パッケージに付属のトレーニング ムービーとソフトウェア チュートリアルを利用することです。また、デモ バージョンを除く SeqScape ソフトウェアのすべてのバージョンには、印刷されたチュートリアルが同梱されています。チュートリアルは、オンラインで利用することも可能です。次の項目を参照してください。                                                                       |
| SeqScape ソフトウェアに関するリソース / 資料はどこで入手できますか？ | SeqScape ソフトウェアに関する資料は、 <a href="http://www.appliedbiosystems.com">www.appliedbiosystems.com</a> > 「 <b>Support</b> 」 > 「 <b>Product and Service Literature</b> 」から検索できます。このページの下部にある「Document Title/Keyword」ダイアログ ボックスで SeqScape と入力し、「 <b>Search</b> 」をクリックしてください。 |



# SeqScape ソフトウェアの基礎に関する FAQ

表 B-3 SeqScape ソフトウェアの基礎に関する質問と回答

| 質問                                                                                                                                    | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| SeqScape ソフトウェアとは？                                                                                                                    | SeqScape ソフトウェアは、ライブラリ内で各コンセンサス シーケンスに一致するヌクレオチド バリアント、アミノ酸バリアント、およびシーケンスを検出するために設計されたリシーケンシングソフトウェア ツールです。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| SeqScape ソフトウェアは、どのようなシーケンシング用途に使用できますか？                                                                                              | SeqScape ソフトウェアでは、SNP の発見とバリデーション、ミューテーションの解析とヘテロ接合体の検出、変異誘発またはクローン構成確認の研究に向けたシーケンス確認、既知のシーケンスのライブラリによるジェノタイプ、アレル、ハプロタイプの検出を行います。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| データを解析および確認するための全体的なワークフローは？                                                                                                          | SeqScape ソフトウェアによるすべての解析は、プロジェクトで行います。データの解析と確認は、次の 6 つの手順に従います。 <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Analysis Defaults と Display Settings を作成します（または、作成済みのものを使用します）。</li> <li>2. RDG を作成します（または、作成済みのものを使用します）。</li> <li>3. Project Template を作成します（または、作成済みのものを使用します）。</li> <li>4. Project Template にサンプル ファイルを追加し、プロジェクトを作成して解析します。</li> <li>5. 結果を確認します（データの表示 / 編集およびレポートの表示を行います）。</li> <li>6. 結果とレポートをエクスポート / 印刷します。</li> </ol>                                                                                                                                 |
|  「Analyze」をクリックすると、SeqScape ソフトウェアでどのような処理が行われますか？ | 「Analyze」ボタンをクリックするたびに、未解析のスペシメンに次の過程が適用されます。 <ol style="list-style-type: none"> <li>1. ベースコールによって Quality Value を決定します。</li> <li>2. ミックスベースを検出します（データのベースコールが既に行われている場合、この手順は迂回されることがあります）。</li> <li>3. 両端のクオリティの低いシーケンスを切り捨てます。</li> <li>4. フィルタリングします（クオリティの低いシーケンスを除外します）。</li> <li>5. シーケンスをリファレンスにアセンブルします。</li> <li>6. 各スペシメンのコンセンサス シーケンスを作成します。</li> <li>7. コンセンサス シーケンスをリファレンス シーケンスに合わせてアライメントします。</li> <li>8. 各コンセンサスをリファレンスと比較します。</li> <li>9. アレル ライブラリで、各コンセンサス シーケンスとのマッチを検索します（アレル マッチを検出する必要がない場合は、この手順は迂回されることがあります）。</li> <li>10. レポートを作成します。</li> </ol> |

## SeqScape ソフトウェアの全般に関する FAQ

表 B-4 全般に関する質問と回答

| 質問                                                                             | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|--------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 装置 - SeqScape ソフトウェア用のデータを作成するには、Applied Biosystems のどの装置を使用すれば良いですか？          | SeqScape ソフトウェアは、ABI PRISM 3700、3100、3100- <i>Avant</i> 、377、310、および Applied Biosystems 3730、3730xI ジェネティック アナライザで作成したシーケンス ファイルを解析します。また、FASTA 形式のテキスト シーケンスも使用できます。                                                                                                                                                                                                                                                      |
| 装置 - SeqScape ソフトウェアでは、ABI PRISM または Applied Biosystems 以外の装置で作成したデータを解析できますか？ | できません。Applied Biosystems 以外のプラットフォームで作成したシーケンシング データは、SeqScape ソフトウェアとの互換性がありません。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| サンプル ファイル - SeqScape ソフトウェアでは、サンプル ファイルを自動解析できますか？                             | SeqScape ソフトウェア v2.1 では、Applied Biosystems 3730/3730xI DNA Analyzer および ABI PRISM 3100/3100- <i>Avant</i> ジェネティック アナライザで作成したサンプル ファイルを自動解析することができます。ソフトウェアでこれらのファイルを自動解析するための設定方法に関する詳細については、第 11 章「解析の自動化」を参照してください。                                                                                                                                                                                                      |
| サンプル ファイル - KB Basecaller では、どの装置のサンプル ファイルを使用できますか？                           | SeqScape ソフトウェアの KB Basecaller では、ABI PRISM 3100 および 3100- <i>Avant</i> ジェネティック アナライザ、Applied Biosystems 3730/3730xI DNA Analyzer で作成したシーケンシング サンプル ファイルを解析することができます。                                                                                                                                                                                                                                                      |
| 作成したファイルを別の場所にいるユーザと共有するには？<br>そのユーザに何を送信すれば良いですか？                             | すべてのサンプル ファイル、解析パラメータ、リファレンス シーケンス、および解析結果は、SeqScape プロジェクト ファイルごとに保存されます。このソフトウェアを使用する別のユーザとこれらのファイルを共有するには、プロジェクトまたはデータ オブジェクトをエクスポートし、そのユーザのコンピュータ上のソフトウェアにインポートします。異なるコンピュータにインストールされた SeqScape ソフトウェア同士はリンクされません。<br><br>また、リファレンス シーケンスおよび解析パラメータが含まれる Project Template を共有することもできます。これにより、同僚は、この Project Template を使用して任意のサンプル ファイルを解析し、新規プロジェクトを作成できるようになります。この場合、実行される解析は、同じ Project Template を使用した元の解析とまったく同じです。 |

表 B-4 全般に関する質問と回答 (続き)

| 質問                                                              | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|-----------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ファイル - SeqScape ソフトウェアで使えるファイルの種類 / 形式は？                        | <p>リファレンス シーケンス - SeqScape ソフトウェアでは、リファレンス シーケンスとして次のファイル形式を使用できます。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Genbank ファイル形式 (.fcgi、.cgi、または .gb 拡張子)</li> <li>• .txt (テキスト) ファイル形式</li> <li>• .ab1 ファイル形式</li> <li>• .fsta (FASTA) ファイル形式</li> <li>• .seq ファイル形式</li> <li>• .fsta (FASTA) ファイル形式のアライメントされたシーケンス *</li> </ul> <p>*インポートしたシーケンスには、ファイルに含まれるすべてのシーケンスのサマリが示されます。このとき、シーケンス内の矛盾している塩基は IUPAC コードに置き換えられます。</p> <p>データ シーケンス - SeqScape ソフトウェアでは、解析用のデータ シーケンスとして次のファイル形式を使用できます。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• .ab1 ファイル (ベースコール済みまたはベースコールされていないもの)</li> <li>• txt (テキスト) ファイル</li> <li>• .fsta (FASTA) ファイル</li> <li>• .seq ファイル</li> </ul> <p>ヌクレオチド バリエーション - SeqScape ソフトウェアでは、ヌクレオチド バリエーションとして次のファイル形式を使用できます。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 一連のアライメントされたシーケンスが FASTA 形式で記述された .fsta ファイル</li> <li>• 各行にバリエーションが 1 つずつ入力され、「Type」、「ROI」、「NT position」、「Reference」、「Variant」、「Style」、「Description」、および「Used by all ROIs」の 8 つのカラム ヘッダで構成される、タブで区切られたテキスト (.txt) ファイル</li> </ul> <p>アミノ酸バリエーション - SeqScape ソフトウェアでは、アミノ酸バリエーションとして次のファイル形式を使用できます。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 各行にバリエーションが 1 つずつ入力され、「Type」、「Layer」、「AA position」、「Reference」、「Variant」、「Style」、および「Description」の 7 つのカラム ヘッダで構成される、タブで区切られたテキスト (.txt) ファイル</li> </ul> |
| ファイル - SeqScape ソフトウェアで .scf ファイルを解析することはできますか？                 | できません。SeqScape ソフトウェアで解析可能なシーケンシングデータは、.ab1 ファイルまたはテキスト シーケンスのみです。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| ファイル - Macintosh® コンピュータで作成したサンプル ファイルを SeqScape ソフトウェアで使用するには？ | Macintosh コンピュータで作成したデータ ファイルを SeqScape ソフトウェアで使用するには、SCU (サンプル変換ユーティリティ) を使用してファイルを変換する必要があります。このユーティリティは、SeqScape Analysis ソフトウェア CD に Macintosh アプリケーション ファイルとして収録されています。SCU は、Macintosh コンピュータでロードおよび起動する必要があります。詳細については、SCU に付属の Read Me ファイルを参照してください。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
| ケミストリ - サポートされている Applied Biosystems のケミストリは？                   | <ul style="list-style-type: none"> <li>• ABI PRISM® BigDye® Terminator v3.1、v3、v2、v1.1、および v1 ケミストリ</li> <li>• ABI PRISM® BigDye® Primers および dRhodamine ダイ</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |

表 B-4 全般に関する質問と回答 (続き)

| 質問                                                                                      | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|-----------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| コンピュータ - SeqScape ソフトウェアに必要なコンピュータシステムは？                                                | <ul style="list-style-type: none"> <li>• CPU - 733 MHz 以上、シングル プロセッサ</li> <li>• メモリ - 512 MB の RAM</li> <li>• OS - Windows® 2000 Service Pack 3 または Windows® XP Service Pack 1</li> <li>• 1 GB のハード ドライブ</li> <li>• Pentium® III または IV チップ。Xeon は不可</li> </ul>                                                            |
| コンピュータ - SeqScape ソフトウェアで期待できるパフォーマンスは？                                                 | <p>コンピュータの仕様によって異なります。たとえば、850 MHz プロセッサ、256 MB の RAM、Pentium® III チップ搭載のコンピュータで Windows® 2000 OS を実行し、サンプル ファイル 100 個、スペシメン 10 個、1 Kb のリファレンスを解析した場合、解析時間は 2 分間です。</p> <p>注：SeqScape ソフトウェアの動作が遅い場合、古いプロジェクトをアーカイブするとパフォーマンスを改善できます。プロジェクトをアーカイブするには、「Tools」&gt; 「SeqScape Manager」&gt; 「Project」&gt; 「Export」を選択します。</p> |
| ソフトウェア - SeqScape ソフトウェアは、BioLIMS/Sequence Collector ソフトウェアをサポートしていますか？                 | いいえ。現在、BioLIMS/Sequence Collector ソフトウェアは、SeqScape ソフトウェアでサポートされていません。                                                                                                                                                                                                                                                     |
| ソフトウェア - SeqScape ソフトウェアと、MicroSeq® および ViroSeq™ ソフトウェアの違いは？                            | <p>SeqScape ソフトウェア - サンプルをリファレンス シーケンスと比較します。</p> <p>MicroSeq ソフトウェア - バクテリアを同定します。</p> <p>ViroSeq ソフトウェア - ジェノタイプ HIV-1 の薬剤耐性ユーテーションのジェノタイプを同定します。</p>                                                                                                                                                                    |
| ソフトウェア - SeqScape ソフトウェアを使用する場合、Sequencing Analysis ソフトウェアは必要ですか？                       | <p>Sequencing Analysis ソフトウェアは、シーケンシング サンプル ファイルの解析、編集、表示、確認、表示、および印刷のために使用する多目的ソフトウェアです。</p> <p>SeqScape ソフトウェアは、特にリシーケンシングのために設計されています。一般的なトラブルシューティングやデータの表示を行う研究所では、Sequencing Analysis ソフトウェアが必要です。</p>                                                                                                               |
| データ オブジェクト - RDG、Display Settings、Analysis Protocol などのデータ オブジェクトをコンピュータ間で転送することはできますか？ | <p>できます。データ オブジェクトは、コンピュータ間で転送することが可能です。データ オブジェクトを SeqScape Manager にエクスポートするには、オブジェクトを選択し、「Export」をクリックします。エクスポートしたファイルを 2 番目のコンピュータに送信し、SeqScape ソフトウェアを起動します。SeqScape Manager を開き、「Import」をクリックしてファイルをインポートします。</p>                                                                                                    |
| データベースに対して BLAST を利用できますか？                                                              | <p>SeqScape ソフトウェアで作成したシーケンスを使用してデータベースを検索するには、Project ビューで「File」&gt; 「Export」を選択し、NT Alignment をアライメントされた FASTA ファイルとしてエクスポートします。このファイルをテキスト ビューワで開き、検索するシーケンスを BLAST クエリにカット アンド ペーストします。エクスポートの詳細については、第 9 章「データおよびレポートのエクスポートと印刷」を参照してください。</p>                                                                        |
| アライメント - SeqScape ソフトウェアで使用されるアライメント アルゴリズムは？                                           | <p>サンプル アセンブリとスペシメン アライメントは、Smith-Waterman ローカル シーケンス アライメント アルゴリズムで DNA シーケンシングに適切なパラメータを使用して作成されます。</p>                                                                                                                                                                                                                  |

表 B-4 全般に関する質問と回答（続き）

| 質問                                                      | 回答                                                                                                                            |
|---------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| アライメント - SeqScape ソフトウェアで実行できるアライメントは、サンプルのアライメントのみですか？ | はい。ベースコーリングを行わずにシーケンスをアセンブルして解析するには、プロジェクトの「Analysis Defaults」を開き、「Specimen」タブを選択します。次に、「Basecall Samples」チェック ボックスの選択を解除します。 |

## SeqScape Manager に関する FAQ

表 B-5 SeqScape Manager に関する質問と回答

| 質問                        | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|---------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| SeqScape Manager とは？      | SeqScape Manager では、プロジェクト、Project Template、リファレンス データ グループ、Analysis Defaults、ライブラリ、Analysis Protocol、および Display Settings をインポート、エクスポート、作成、削除することができます。<br><br>SeqScape Manager にアクセスするには、「Tools」メニューから選択します。                                                                                                         |
| オブジェクトとは？                 | オブジェクトは、特定の機能を実行する、名前の付けられたデータ要素の集合です。たとえば、Analysis Protocol はオブジェクトです。                                                                                                                                                                                                                                                |
| 新規ユーザを作成するには？             | アドミニストレータ ユーザとしてログインする必要があります。<br>1. 「Tools」> 「Options」を選択します。<br>2. 「Users」タブを選択し、「New」をクリックします。<br>3. 新規ユーザの名前（ユーザ名にスペースを入れないでください）を入力し、「OK」をクリックします。<br>4. 新規の名前でログインするには、ソフトウェアをいったん終了し、再起動します。<br>5. 新規ユーザ名でログインします。                                                                                              |
| SeqScape ソフトウェアのプロジェクトとは？ | プロジェクトは、Project Template を使用して作成します。プロジェクトには、スペシメンにグループ化されたサンプル データ ファイルが含まれます。                                                                                                                                                                                                                                        |
| Project Template とは？      | Project Template は、プロジェクトを作成するためのひな形です。テンプレートは、Analysis Defaults、Display Settings、およびリファレンス データ グループで構成されます。                                                                                                                                                                                                           |
| スペシメンとは？                  | スペシメンには、単一の生物学的ソースのすべてのサンプル データが含まれます。<br><br>SeqScape ソフトウェアは、1 つのスペシメンに含まれるすべてのサンプル データを組み立て、コンセンサス シーケンスを作成します。たとえば、スペシメンには、ある遺伝子のエクソン 3、4、および 5 の PCR プロダクトのフォワード鎖と、同じエクソンの数個の PCR プロダクトのリバース鎖が含まれます。この場合、ソフトウェアはエクソン 3、4、および 5 を表す単一のコンセンサス シーケンスを作成し、これをリファレンス シーケンスと比較します。複数の生物学的ソースのプロダクトを単一のスペシメンに混合しないでください。 |

表 B-5 SeqScape Manager に関する質問と回答 (続き)

| 質問                              | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|---------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| レイヤとは？                          | レイヤは、表示、レポート、またはアミノ酸翻訳の目的でグループ化された一連の ROI です。同じレイヤ内で ROI をオーバーラップさせることはできません。たとえば、プロジェクトにイントロン 1、2、3、4、5、6 とエクソン 1、2、3、4、5 が含まれる場合、エクソン 1、4、5 のみが含まれるレイヤを作成することも、イントロン 1、エクソン 1、イントロン 2、エクソン 2、イントロン 3、エクソン 3、イントロン 4 が含まれるレイヤを作成することもできます。レイヤでトランスクリプトを表すこともできます。                                                                                                                                                          |
| 新規レイヤを作成するには？                   | 新規レイヤを作成するには、RDG の「ROI」タブで「 <b>New Layer</b> 」をクリックします。次に、ROI 表で「 <b>On Layer</b> 」チェックボックスを選択し、希望の ROI を追加するよう選択します。また、レイヤでこの ROI の翻訳を行うかどうかを選択します。                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| 複数の個体のサンプルを同じスペシメンに入れることはできますか？ | できません。サンプルは個体ごとに別々のスペシメンに入れる必要があります。第 6 章を参照してください。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 複数の生物学的ソースのサンプルを混合することはできますか？   | 同じスペシメンで複数の生物学的ソースのデータを解析することはできません。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| リファレンス データ グループ (RDG) とは？       | RDG は、Project Template に不可欠な要素で、リファレンス シーケンス、翻訳コドン表、既知のバリエーション、RDG 名、リファレンス セグメント、対象領域 (ROI)、レイヤ、関連付けられたアレルライブラリ名など、解析固有の情報がすべて含まれます。                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| 拡張 RDG の新機能は？                   | Genbank ファイルを使用してリファレンス シーケンスを作成すると、Genbank ファイルの機能表が RDG に取り込まれ、各機能が ROI (対象領域) 表に表示されます。これらの ROI から、シーケンスの比較のための新規レイヤを作成することができます。たとえば、2 つのエクソンと 1 つのイントロンで構成される遺伝子の Genbank ファイルを RDG にインポートした場合、ユーザは、2 つのエクソンのみが含まれるレイヤを作成することができます。解析を実行すると、2 つのエクソンが含まれるこのレイヤおよび 2 つのエクソンとイントロンが含まれるリファレンス バックボーン レイヤに対してスペシメンが比較されます。また、ユーザは、特定の ROI について翻訳を行うかどうかを選択することもできます。アライメントされたシーケンスが含まれるライブラリを特定のレイヤに関連付け、解析時に比較することもできます。 |
| リファレンス シーケンスとは？                 | リファレンス シーケンスは、ソフトウェアがコンセンサス セグメントを比較する際に基準にするバックボーン シーケンスです。リファレンス シーケンスには、1 つ以上のリファレンス セグメントで構成される連続または不連続のシーケンスが含まれます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| リファレンス セグメントとは？                 | リファレンス セグメントは、単一の連続した DNA シーケンスに対応する、リファレンス シーケンス内のリファレンス バックボーンの連続した部分です。<br><br>リファレンス バックボーンは、リファレンス シーケンス全体を表し、1 つ以上のリファレンス セグメントで構成することができます。                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| リファレンス バックボーンとは？                | リファレンス バックボーンは、リファレンス シーケンス全体を表し、多数のリファレンス セグメントで構成することができます。バックボーンは、RDG の最初のレイヤになり、修正することはできません。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |

表 B-5 SeqScape Manager に関する質問と回答 (続き)

| 質問                                                | 回答                                                                                                                                                                                                       |
|---------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| リファレンスの分割とは？<br>また、リファレンスを分割するには？                 | 分割により、連続していないシーケンスを表すことができます。たとえば、分割の一方にエクソン 3 を含め、他方でエクソン 8 を表すことができます。「ROI」タブで、リファレンス セグメントを分割する塩基の位置をクリックし、「Split Reference Segment」を選択します。                                                           |
| 「ROI」タブに関する情報はどこで参照できますか？                         | この情報を参照するには、RDG の「ROI」タブの左下にある「Info」をクリックします。                                                                                                                                                            |
| ROI で負の番号を使用できますか？                                | できます。ROI では負の番号を使用することができます。ROI に負の番号を割り当てるには、RDG の ROI 表に番号を入力します。                                                                                                                                      |
| リファレンス シーケンスで負の番号を使用できますか？                        | リファレンス バックボーン シーケンスでは、負の番号を使用することはできません。ただし、リファレンス バックボーンに含まれる個々の ROI では負の番号を使用できます。                                                                                                                     |
| GenBank ファイルを保存するには？                              | NCBI の Web サイトで目的のシーケンスを見つけたら、Accession No. の左側のチェック ボックスを選択します。このページの上部で、「Display」の横にある「Genbank」を選択し、「Send to File」を選択します。ファイルが指定場所に保存されます。このファイルは RDG にインポートできます。ファイルには .gb、.fcgi、または .cgi 拡張子を使用できます。 |
| シーケンスの一部を非翻訳（イントロン領域）として指定するには？                   | シーケンスの一部を非翻訳として指定するには、その ROI の「Translate」チェック ボックスの選択を解除します。シーケンスの領域を非翻訳として指定するには、まず「ROI」タブで目的のシーケンス部分をハイライトし、「Add ROI」をクリックします。この領域が ROI 表に表示されます。この ROI を取り込むレイヤを選択し、「Translate」チェック ボックスの選択を解除します。    |
| リファレンス シーケンスの最初の塩基番号を変更するには？<br>最初のコドンの設定を変更するには？ | 最初の塩基 / コドン指定するには、「ROI」タブの「Reference Segment」ペインを使用します。このペインには、選択したリファレンス シーケンスが表示されます。このペインの左上のボックスをクリックし、希望の番号を入力します。                                                                                  |
| 翻訳フレームを変更するには？                                    | 翻訳フレームを変更するには、RDG の「ROI」タブを使用します。                                                                                                                                                                        |
| SeqScape ソフトウェアで暗黙的なリファレンス シーケンスを使用できますか？         | できません。SeqScape ソフトウェアでは、暗黙的なリファレンス シーケンスの使用はサポートされていません。ただし、リファレンス シーケンスとして .ab1 ファイルおよび Genbank ファイルを使用することができます。                                                                                       |
| リファレンス ブレークとは？                                    | リファレンス ブレークは、リファレンス シーケンス内でリファレンスが連続していない 2 つのセグメント間にあるブレークです。                                                                                                                                           |
| 翻訳コドン表とは？                                         | アミノ酸と遺伝コードを翻訳する表です。付録 C「翻訳表」を参照してください。                                                                                                                                                                   |
| 既知のバリエーションとは？                                     | リファレンス内で以前に検出されたことのある AA バリエーションまたは NT バリエーションです。                                                                                                                                                        |
| 対象領域 (ROI) とは？                                    | ROI は、表示用の特殊な番号属性を持つ、リファレンス セグメント上の領域です。ROI には、常に左から右へと増加する連続した番号が割り当てられます。この番号は、リファレンス セグメントの番号と対応している必要はありません。ROI では負の番号を使用することもできます。ROI は、表示または翻訳の目的でレイヤにグループ化することができます。                              |

表 B-5 SeqScape Manager に関する質問と回答 (続き)

| 質問                                                                  | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|---------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| リファレンス セグメントと、それに含まれる ROI を設定するには？                                  | リファレンス セグメントを RDG にインポートした後に、「ROI」タブを使用してリファレンス セグメントの設定を変更し、ROI を追加します。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| バリエーション情報を持っていないのですが？                                               | リファレンス データ グループの作成には、バリエーションは必要ありません。<br><br>バリエーションをインポートする場合、バリエーションは、タブで区切られたテキスト ファイル形式またはシーケンスの FASTA アライメントである必要があります。                                                                                                                                                                                                                                                             |
| ファイルのインポート - SeqScape ソフトウェアにインポートできるファイルの種類は？                      | ソフトウェアには、ABI サンプル ファイル、タブで区切られたテキスト、FASTA ファイル形式をインポートすることができます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| ファイルのインポート - 複数のテキスト ファイルを .ab1 ファイルではなく、1 つのスペシメンにインポートすることはできますか？ | できます。サンプル ファイルとして、.seq 形式または FASTA 形式のファイルをインポートすることができます。これらのファイルをインポート ダイアログに表示するには、「 <b>Show .ab1 Samples File Only</b> 」ボックスの選択を解除する必要があります。インポート後、これらのファイルを通常のファイルと同様に解析することができます (ベースコーリングは行われません)。                                                                                                                                                                                |
| ファイルのインポート - サンプル ファイルは、リファレンス シーケンスと同じ読取りフレームにインポートする必要がありますか？     | いいえ。インポートしたサンプル ファイルは、リファレンス シーケンスと同じ読取りフレームに入れる必要はありません。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
| ファイル形式 - 解析済みのデータを SeqScape ソフトウェアで使用することはできますか？                    | 使用できます。ただし、ABI データ形式 (FASTA 形式ではない) の場合、ファイルを SeqScape ソフトウェアで再解析すると、以前の解析、結果、および編集が上書きされます。                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| ファイル形式 - FASTA 形式とは？<br><br>FASTA 以外のファイルを正しい形式に変換するには？             | FASTA 形式のシーケンスは、1 行目に説明があり、その後にシーケンス データの行が続きます。説明の行は、最初のカラムに大なり (>) 記号があるため、シーケンス データと区別できます。<br><br>注：Microsoft Word でファイルを作成する場合、必ずテキストのみの形式で保存してください (改行は使用できますが、スペースは使用できません)。<br><br>>HumMitoCamb from 15871 to 450 (ハード リターン)<br>aataactcaaatgggcctgtcctttagtagtataaactaatcacaccagtctttaaaccgg<br>agatgaaaacctttccaaggacaaatcgagaaaaagtcttaactccaccatt<br>gcacccaaagct (ハード リターン) |
| Analysis Settings とは？                                               | Analysis Settings は、ベースコーリング、ミックススペースの設定、Clear Range、およびフィルタリングの設定を定義します。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
| Clear Range とは？                                                     | Clear Range は、コンセンサス シーケンスに含める有効なサンプル シーケンスの範囲を定義します。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |



表 B-5 SeqScape Manager に関する質問と回答（続き）

| 質問                                                                                                     | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <p>プロジェクト内で <b>Clear Range</b> を修正することはできますか？</p> <p><b>Clear Range</b> を変更した場合、データを再解析する必要がありますか？</p> | <p>プロジェクト全体の <b>Clear Range</b> を変更するには、(Analysis Protocol を修正した) 新規の Project Template を適用します。この場合、すべてのサンプルを再解析する必要があり、これによってサンプルのベースコール / 編集が失われます。</p> <p>サンプルごとに <b>Clear Range</b> の設定を変更するには、サンプルの Analysis Protocol の設定を修正します。この場合、影響を受けるサンプルが含まれるスペシメンを再解析する必要があります。Analysis Protocol の「<b>Clear Range</b>」タブのみを修正した場合、解析は、<b>Clear Range</b> を決定する過程から開始されます。そのため、ベースコールは上書きされません。</p> <p>サンプル ファイル内でサンプルの <b>Clear Range</b> を変更することもできます。この場合、再解析は必要ありません。この方法で <b>Clear Range</b> を変更するには、サンプル シーケンスを右クリックして「<b>Set CR... at selection</b>」を選択し、CR のカッコをクリックしてドラッグし、<b>Clear Range</b> の設定を変更します。「<b>Tools</b>」&gt;「<b>Set Clear Range</b>」を選択しても、サンプルの <b>Clear Range</b> の設定を変更できます。</p> |
| フィルタリングの設定とは？                                                                                          | <p>フィルタリングの設定では、ミックススペースの許容最大割合、N の許容最大値、<b>Clear Range</b> の最小長さ、各サンプルの最小サンプル スコアを設定することができます。</p> <p>フィルタリングによる確認に失敗したサンプルは、解析に含まれません。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| Display Settings とは？                                                                                   | <p><b>Display Settings</b> は、塩基、エレクトロフェログラムの表示および軸のスケール、バリエーションの表示ビュー、ヌクレオチド翻訳の表示ビューに使用されるフォントや色を制御します。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
| コンセンサス シーケンスをエクスポートすることはできますか？                                                                         | <p>できます。<b>Project Navigator</b> で目的のコンセンサス シーケンスを選択し、「<b>File</b>」&gt;「<b>Export</b>」を選択します。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |

## ライブラリに関する FAQ

表 B-6 ライブラリに関する質問と回答

| 質問                                                                                                                | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ライブラリの要件は？                                                                                                        | <p>ライブラリ検索機能は、ライブラリ内のすべてのシーケンスが同じシーケンスのバリエーションである、アレル、ジェノタイプ、ハプロタイプのライブラリで使用するために設計されています。この機能で、異なるシーケンスのライブラリに対して検索することはできません。ライブラリに必要な特性は次のとおりです。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>すべてのライブラリ シーケンスがあらかじめアライメントされ、同じ長さであること</li> <li>すべてのライブラリ シーケンスが同じシーケンスのバリエーションであること（バリエーションは 50% 未満であることが必要）</li> <li>すべてのライブラリ シーケンスが、そのライブラリに関連付けられているレイヤと同じ領域を対象としていること（たとえば、レイヤにエクソン 2、3、7、8 が含まれる場合、有効なライブラリには、エクソン 2、3、7、8 のシーケンスが含まれている必要がある。エクソン 2、3、4、5、7、8 を対象としたシーケンスのライブラリは無効）</li> </ul> <p>ライブラリは、特定のレイヤに関連付けられます。</p> |
| ライブラリ検索によって返されるマッチ数について、定義できる数に最小数 / 最大数はありますか？                                                                   | <p>最大数はありません。ただし、ライブラリに含まれているアレルより多い数を要求しても意味がありません。最小数は 1 です。返されるライブラリ マッチ数は、プロジェクトの「Analysis Defaults」&gt;「Specimen」タブで設定できます。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| ハプロイド ライブラリとディプロイド ライブラリの違いは？                                                                                     | <p>ハプロイド ライブラリでは、すべてのシーケンスが単一の塩基のシーケンスです。ディプロイド ライブラリには、ミックスベースと単一の塩基のシーケンスが両方含まれます。また、ハプロイド ライブラリでは可能性のあるマッチが 2 つ返され、ディプロイド ライブラリでは 1 つ返されます。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| 「RDG properties」ボタンから開いているプロジェクトにライブラリを追加し、検索結果を即座に表示することができますか？<br><br>または、ライブラリ検索を開始するために、プロジェクトを再解析する必要がありますか？ | <p>ライブラリの検索は、アクティブなレイヤの新規ライブラリをロードし、「RDG」ダイアログ ボックスを閉じた直後に自動的に実行されます。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 「Library Identification」ペインの機能は？<br><br>「Library Identification」ペインを表示するには？                                       | <p>「Library Identification」ペインでは、選択したスペシメン コンセンサス シーケンスに対する一連のライブラリ マッチの中で検出された決定的位置を確認できます。このペインを表示するには、Project Assembly ビューでスペシメン コンセンサス シーケンスの塩基をクリックします。このペインの高さは、分割バーをドラッグして調整できます。決定的位置のカラムは、Project Assembly ビューでカラム セレクタによってハイライトされたスペシメン コンセンサス シーケンスの塩基位置へのリンクになっています。</p>                                                                                                                                                                                                                                                  |
| 決定的位置エラーとは？                                                                                                       | <p>決定的位置エラーは、すべてのアレル マッチに存在する多型位置です。この位置によって、各アレルの固有性が生じます。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |

表 B-6 ライブラリに関する質問と回答（続き）

| 質問                  | 回答                                                                                                      |
|---------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| コンスタント ポジション エラーとは？ | コンスタント ポジション エラーは、スเปシメン コンセンサス シーケンス内で、すべてのアレル マッチの対応する位置とは異なっている位置です。すべてのアレル マッチでは、この特定位置に同じ塩基が存在します。 |

## ミューテーション、バリエント、HIM、HFM の検出に関する FAQ

表 B-7 ミューテーション、バリエント、HIM、HFM の検出に関する質問と回答

| 質問                                                                                  | 回答                                                                          |
|-------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------|
| SeqScape ソフトウェアでは、ヘテロ接合挿入 / 欠損ミューテーション (HIM) を検出できますか？<br>たとえば、3 つの塩基が挿入されたシーケンスです。 | できます。SeqScape ソフトウェアでは、可能性のある HIM の位置が示され、Analysis QC レポートに表示されます。          |
| SeqScape ソフトウェアでは、HIM シーケンス トレースを分離できますか？                                           | できません。SeqScape ソフトウェアでは、HIM シーケンス トレースを分離できません。ただし、削除または挿入された塩基の数はレポートされます。 |

## データ解析に関する FAQ

表 B-8 データ解析に関する質問と回答

| 質問                                       | 回答                                                                                                                                           |
|------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 解析を開始するには？                               | ツールバーの  (「Analyze」) をクリックするか、「Analysis」>「Analyze」を選択します。 |
| スเปシメンに示される赤の取消し線は何を意味しますか？              | 取消し記号は、解析が必要なことを示します。                                                                                                                        |
| SeqScape ソフトウェアでは、シーケンス内のギャップを処理できますか？   | SeqScape ソフトウェアは、クリーンなシーケンス アライメントを作成するために必要なギャップを自動的にサンプルおよびコンセンサス シーケンスに挿入します。これらのギャップは、FASTA 形式のファイルからシーケンスをインポートする前に削除する必要があります。         |
| アナリシス レポートの「Alignment Score」は何を意味しますか？   | 「Alignment Score」は、プロジェクト アライメントを作成するために各スเปシメン コンセンサスに挿入された文字数を示します。アライメント スコアが低いほど、スเปシメン コンセンサスとリファレンスが類似していることを示します。                     |
| 編集によってデータにどのような影響がありますか？<br>何が更新されるのですか？ | サンプル内で塩基を挿入、削除、または変更すると、変更はコンセンサス シーケンスに反映されます。また、コンセンサスの編集は、すべてのサンプルに反映されます。                                                                |

表 B-8 データ解析に関する質問と回答 (続き)

| 質問                                                             | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|----------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 編集されたデータと編集されていないデータを区別するには？                                   | 編集された塩基は小文字で表示され、編集されていない塩基は大文字で表示されます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| 解析を開始すると、編集したシーケンスはどうなりますか？                                    | ベースコーリングが開始されると、現在のすべての編集が上書きされます。サンプルを再度ベースコーリングする必要のない <b>Analysis Settings</b> の変更の場合は、編集内容とリファレンス シーケンスはそのまま維持されます。                                                                                                                                                                                                                                                   |
| コンセンサスの塩基を編集するとどうなりますか？                                        | コンセンサスの塩基が小文字に変わり、 <b>Quality</b> バーが灰色になります。サンプルのその位置にある塩基で新規のベースコールに一致しないものは、すべて新規のコンセンサスの塩基に合わせて変更され、小文字と灰色の <b>Quality</b> バーで表示されます。                                                                                                                                                                                                                                 |
| サンプル内の不要なスペースを削除するには？                                          | サンプル内の不要なスペースを削除するには、スペースをダブルクリックし、 <b>[Delete]</b> キーを押します。                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| 非常に多数の塩基を削除した場合、どうすれば良いですか？                                    | 解析を繰り返してください。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| <b>Quality Value</b> を作成せずにベースコールを行うことはできますか？                  | できません。SeqScape ソフトウェアのすべての Basecaller は、 <b>Quality Value</b> を作成します。ただし、 <b>Quality Value</b> は表示しなくても構いません。 <b>Quality Value</b> を非表示にするには、プロジェクトの「 <b>Display Settings</b> 」の「 <b>Views</b> 」タブで、信頼度バーのアイコンの選択を解除します。                                                                                                                                                  |
| サンプルのベースコールを再度行わずにサンプルのアセンブル/解析を行い、既存のベースコールを残すことはできますか？       | できます。ベースコーリングを行わずにシーケンスをアセンブル解析するには、プロジェクトの「 <b>Analysis Defaults</b> 」を開き、「 <b>Specimen</b> 」タブを選択します。次に、「 <b>Basecall Samples</b> 」チェックボックスの選択を解除します。                                                                                                                                                                                                                   |
| あるプロジェクトのサンプルを、別の Basecaller と Dye Set/Primer ファイルを使用して解析するには？ | あるプロジェクトのサンプルを、別の Basecaller と Dye Set/Primer ファイルを使用して解析するには、「 <b>Analysis</b> 」メニューから <b>Sample Manager</b> を開く必要があります。適切な Basecaller と Dye Set/Primer ファイルを選択し、「 <b>Apply</b> 」をクリックします。これらの変更を有効にするには、プロジェクトを再解析する必要があります。赤の斜線の付いたサンプルとスペシメンは、未解析のステータスを示します。 <b>Sample Manager</b> で、サンプルごとに <b>Analysis Protocol</b> を編集したり、 <b>Analysis Protocol</b> を適用することもできます。 |
| スペシメンのアイコンに示される赤の斜線は何を意味しますか？                                  | 赤の斜線は、解析がまだ実行されていないことを示します。赤の斜線は、 <b>Analysis Settings</b> を変更した場合に、これらの設定を適用するためにプロジェクトの再解析が必要となるときにも表示されます。解析を開始するには、ウィンドウの上部にある緑の矢印 (ラン) ボタンをクリックします。                                                                                                                                                                                                                  |
| スペシメン名を編集するには？                                                 | スペシメンを選択し、「 <b>Edit</b> 」>「 <b>Rename</b> 」を選択するか、右クリックして「 <b>Edit</b> 」を選択します。                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
| サンプルまたはスペシメンを削除するには？                                           | 削除する項目を選択し、「 <b>Edit</b> 」>「 <b>Delete</b> 」を選択するか、ツールバーの「 <b>Delete</b> 」ボタンをクリックするか、キーボードの <b>[Delete]</b> キーを押すか、右クリックして「 <b>Delete</b> 」を選択します。                                                                                                                                                                                                                       |
| <b>TraceTuner™</b> Basecaller モジュールとは？                         | <b>ABI</b> Basecaller には、塩基を割り当て、2 番目のアルゴリズムである <b>TraceTuner</b> モジュールを呼び出すアルゴリズムが組み込まれています。 <b>TraceTuner</b> モジュールは、塩基ごとのサンプル <b>Quality Value</b> を作成し、ミックスベースを検出する役割を果たします。                                                                                                                                                                                          |

表 B-8 データ解析に関する質問と回答（続き）

| 質問                             | 回答                                                                                                                                                 |
|--------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 解析済みプロジェクトの赤のドットは何を意味しますか？     | 赤のドットは、コンセンサス コーラによって読み取られた塩基を示します。コンセンサス コーラは、スペシメンの関連するサンプルシーケンスでこの塩基を編集します。編集された塩基は小文字で表示され、Quality Value バーが灰色になります。                           |
| [Tab] ジャンプ キーの設定を変更することはできますか？ | [Tab] ジャンプ キーの設定を変更するには、プロジェクトの「Display Settings」の「Views」タブを使用します。また、プロジェクトを開いた状態でツールバーの「Tab jumps to next...」オプションを選択しても、[Tab] ジャンプ キーの設定を変更できます。 |

## アナリシス レポートに関する FAQ

表 B-9 アナリシス レポートに関する質問と回答

| 質問                                                                          | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|-----------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| レポートにアクセスするには？                                                              | すべてのレポートは、ツールバーの「Report Manager」ボタンをクリックするか、「 <b>Analysis</b> 」>「 <b>Report Manager</b> 」を選択してアクセスします。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
| SeqScape ソフトウェアで利用できるレポートの種類は？                                              | SeqScape ソフトウェア v2.1 では、次のレポートを作成することができます。 <ul style="list-style-type: none"> <li>• Analysis QC レポート</li> <li>• Mutations レポート</li> <li>• AA Variants レポート</li> <li>• Specimen Statistics レポート</li> <li>• Sequence Confirmation レポート</li> <li>• Base Frequency レポート</li> <li>• Library Search レポート</li> <li>• RDG レポート</li> <li>• Audit Trail レポート</li> <li>• Genotyping レポート</li> </ul> 注：レポートの詳細については、7-17 ページの「レポートの表示」を参照してください。 |
| Analysis QC レポートとは？                                                         | Analysis QC レポートには、プロジェクトの履歴のサマリが表示されます。このレポートには、解析の手順ごとに各スペシメンのステータスが詳細に示されます。また、可能性のある HIM（ヘテロ接合挿入 / 欠損ミューテーション）のリストも表示されます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| Specimen Statistics レポートの「Segment Score」は何を意味しますか？                          | 「Segment Score」には、そのリファレンス セグメント領域の Clear Range におけるすべての Quality Value の平均が示されます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| Specimen Statistics レポートおよび Sequence Confirmation レポートの「Coverage」は何を意味しますか？ | 「Coverage」には、コンセンサス シーケンスに含まれるサンプル数の値が示されます。                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

表 B-9 アナリシス レポートに関する質問と回答 (続き)

| 質問                                                                                                         | 回答                                                                                                                                                                            |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| レポートを開いた状態でプロジェクト内のシーケンスを編集した場合、レポートに表示される情報は即座に更新されますか？<br><br>または、変更を表示するために、レポートをいったん閉じてから再度開く必要がありますか？ | レポートを開いたままの状態、編集に伴って結果が更新されます。                                                                                                                                                |
| サンプル ファイルがアセンブルされないのはなぜでしょうか？                                                                              | サンプルがスペシメンの <b>Unassembled</b> ノードにある場合、 <b>Analysis QC</b> レポートを調べてサンプル ファイルがアセンブルされなかった原因を判断してください。 <b>Analysis QC</b> レポートには、サンプルがアセンブルされたかどうかのほか、解析過程の特定の時点で失敗した理由が示されます。 |

## Quality Value に関する FAQ

表 B-10 QV に関する質問と回答

| 質問                                            | 回答                                                                                                                                                    |
|-----------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Quality Value とは？                             | Quality Value は、サンプル (サンプル QV) またはコンセンサス (コンセンサス QV) におけるベースコールの推定確実性です。                                                                              |
| Quality Value を作成せずにベースコールを行うことはできますか？        | できません。SeqScape ソフトウェアのすべての Basecaller は、Quality Value を作成します。ただし、プロジェクトの「Display Settings」の「Views」タブで信頼度バーのアイコンの選択を解除して、Quality Value を非表示にすることもできます。 |
| Basecaller による Quality Value はどのように作成されるのですか？ | ベースコールの確実性を確認するために設計されたアルゴリズムによって導き出されます。詳細については、第 10 章「サンプルおよびコンセンサスの Quality Value」を参照してください。                                                       |
| Quality Value を求める方程式は？                       | $QV = -10 \log_{10}(PE)$<br>ここで、PE はエラー確率です。                                                                                                          |
| サンプル Quality Value はどのように作成されるのですか？           | 換算によってベースコールの確実性を推定する、統計に基づくアルゴリズムを使用して作成されます。                                                                                                        |
| サンプル Quality Value とサンプル スコアの違いは？             | サンプル スコアは、サンプルの Clear Range シーケンスに含まれる塩基の平均 Quality Value です。サンプル Quality Value は、Basecaller による塩基ごとの推定精度です。                                          |
| コンセンサス Quality Value とコンセンサス スコアの違いは？         | コンセンサス スコアは、スペシメンのコンセンサス シーケンスに含まれる塩基の平均 Quality Value です。コンセンサス Quality Value は、コンセンサスコーリング アルゴリズムによる塩基ごとの推定精度です。                                    |

## 結果の印刷とエクスポートに関する FAQ

表 B-11 結果の印刷とエクスポートに関する質問と回答

| 質問                                                | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|---------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 印刷 - SeqScape ソフトウェアで印刷できるものは？                    | 印刷可能なビューは、サンプル、スペシメン、セグメント、プロジェクト、および完成したレポートのみです。また、エレクトロフェログラム、完成されたレポート、Project ビューの表示可能なデータまたはすべてのデータを印刷することもできます。                                                                                                                                                           |
| 印刷 - SeqScape ソフトウェアで推奨されるプリンタは？                  | HP® 8100、4600、990cxi、または Epson® 980 カラー プリンタを使用することをお勧めします。                                                                                                                                                                                                                      |
| ファイルのエクスポート - SeqScape ソフトウェアからエクスポートできるものは？      | このソフトウェアからは、ユーザ情報、プロジェクト、プロジェクト アライメント、Project Template、レポート、ヌクレオチドおよびアミノ酸バリエーション、およびライブラリをエクスポートできます。付録 D「ユーザの権限」を参照してください。                                                                                                                                                     |
| ファイルのエクスポート - 各コンセンサス シーケンスを個別にエクスポートすることはできますか？  | プロジェクトのコンセンサス シーケンスは、グループとしてエクスポートすることができます。エクスポートするには、Project ビューで「File」>「Export」を選択します。                                                                                                                                                                                        |
| 印刷/エクスポート可能な形式は？                                  | レポートのエクスポートは、.pdf、.xml、.htm、または .txt ファイル形式で行えます。また、エクスポートしたレポートを印刷したり、「File」>「Print」を選択して開いているレポートを印刷することができます。                                                                                                                                                                 |
| プロジェクトから個々の .ab1 サンプル ファイルをエクスポートおよび印刷することはできますか？ | できます。プロジェクトから個々の .ab1 サンプル ファイルをエクスポートおよび印刷できます。これを行うには、Project Navigator ビューでサンプル ファイルを選択します。次に、サンプル ファイルをクリックし、「File」>「Export」>「Sample Sequence File」を選択します。サンプル ファイルは、.seq、.fasta (FASTA)、.phd.1 (PHD)、.ab1 の 4 つのフォーマットにエクスポートできます。個々のサンプル ファイルを印刷するには、「File」>「Print」を選択します。 |

## オーディット トレール、セキュリティ、アクセス コントロールに関する FAQ

表 B-12 オーディット トレール、セキュリティ、アクセス コントロールに関する質問と回答

| 質問                                                           | 回答                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| SeqScape ソフトウェアには、どのようなセキュリティおよびオーディット トレール機能がありますか？         | <p>SeqScape ソフトウェア v2.1 には、次のセキュリティおよびオーディット トレール機能があります。</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 3 レベルのユーザ アクセス</li> <li>• 特定時間の経過後にユーザをロックアウト</li> <li>• パスワードの期限切れ</li> <li>• ベース変更、挿入、または削除に対して作成可能なオーディット トレール</li> <li>• オーディット トレールには、時刻 / 日付スタンプと変更理由も含まれる</li> <li>• ソフトウェアにログインしたときに表示されるユーザ名</li> <li>• Audit Trail レポート</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                     |
| アドミニストレータ、サイエンティスト、アナリスト でログインした場合のアクセス コントロールの違いは？          | <p>アドミニストレータ は、アプリケーションで許可されるすべての操作を実行できます。これには、管理固有のタスク（ユーザの作成、ユーザの詳細の表示と変更、ユーザのインポートとエクスポート、21CFR で定義される認証（Authentication）と監査（Audit）機能の変更）が含まれます。</p> <p>サイエンティスト は、アドミニストレータ固有のタスクを除くすべての操作を実行できます。</p> <p>アナリスト は、プロジェクトを開いたりサンプルをインポートすることはできませんが、その他のマスタ オブジェクトを操作することはできません。たとえば、アナリストは、Project Template、RDG、Analysis Defaults などを表示、修正、インポート、またはエクスポートできません。これには、プロジェクト内での RDG や Analysis Settings の変更も含まれますが、Sample Manager から Basecaller および Dye Set/Primer ファイルを変更することはできません。アナリストは、プロジェクトの編集が可能です。また、アドミニストレータ固有のタスクはまったく実行できません。</p> <p>詳細については、付録 D「ユーザの権限」を参照してください。</p> |
| オーディット トレールのコンポーネントによって、各エントリにユーザ ID および時刻 / 日付スタンプが追加されますか？ | <p>Audit Trail レポートには、各オーディット イベントのユーザ ID、ユーザの姓および名、および時刻 / 日付スタンプが表示されます。また、ユーザがデータを修正した理由と、ユーザが追加したコメントも表示されます。</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |



# 翻訳表

---

この付録では、次の項目について説明します。

|                                          |     |
|------------------------------------------|-----|
| IUPAC/IUB コード .....                      | C-2 |
| IUPAC Diagram .....                      | C-2 |
| 相補鎖 .....                                | C-3 |
| 普遍的遺伝子コード (Universal Genetic Code) ..... | C-4 |
| アミノ酸の略語 .....                            | C-5 |

# IUPAC/IUB コード

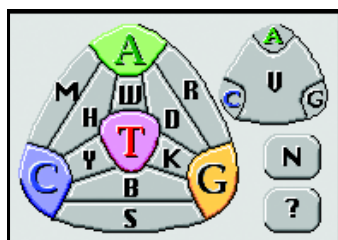
表 C-1 IUPAC/IUB コード

| コード | 翻訳                    |
|-----|-----------------------|
| A   | Adenosine             |
| C   | Cytidine              |
| G   | Guanosine             |
| T   | Thymidine             |
| B   | C、G、または T             |
| D   | A、G、または T             |
| H   | A、C、または T             |
| R   | A または G (puRine)      |
| Y   | C または T (pYrimidine)  |
| K   | G または T (Keto)        |
| M   | A または C (aMino)       |
| S   | G または C (強い 3 本の水素結合) |
| W   | A または T (弱い 2 本の水素結合) |
| N   | 任意の塩基                 |
| V   | A、C、または G             |

注：このチャートは、Help メニューからアクセスできます。

## IUPAC Diagram

IUPAC



IUPAC ヘテロ接合体

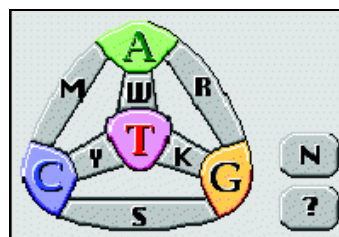


図 C-1 IUPAC Diagram

# 相補鎖

表 C-2 相補鎖

|   |   |   |   |
|---|---|---|---|
| A | T | S | S |
| C | G | W | W |
| G | C |   |   |
| T | A | B | V |
|   |   | D | H |
| R | Y | H | D |
| Y | R | V | B |
| K | M | N | N |
| M | K |   |   |

注：このチャートは、Help メニューからアクセスできます。

## 普遍的遺伝子コード (Universal Genetic Code)

表 C-3 普遍的遺伝子コード

| 第 1 塩基<br>(5' 末端)       | 第 2 塩基 |     |     |     | 第 3 塩基<br>(3' 末端) |
|-------------------------|--------|-----|-----|-----|-------------------|
|                         | T      | C   | A   | G   |                   |
| T                       | Phe    | Ser | Tyr | Cys | T                 |
|                         | Phe    | Ser | Tyr | Cys | C                 |
|                         | Leu    | Ser | OCH | OPA | A                 |
|                         | Leu    | Ser | AMB | Trp | G                 |
| C                       | Leu    | Pro | His | Arg | T                 |
|                         | Leu    | Pro | His | Arg | C                 |
|                         | Leu    | Pro | Gln | Arg | A                 |
|                         | Leu    | Pro | Gln | Arg | G                 |
| A                       | Ile    | Thr | Asn | Ser | T                 |
|                         | Ile    | Thr | Asn | Ser | C                 |
|                         | Ile    | Thr | Lys | Arg | A                 |
|                         | Met    | Thr | Lys | Arg | G                 |
| G                       | Val    | Ala | Asp | Gly | T                 |
|                         | Val    | Ala | Asp | Gly | C                 |
|                         | Val    | Ala | Glu | Gly | A                 |
|                         | Val    | Ala | Glu | Gly | G                 |
| 停止コード : AMBer、OCHer、OPA |        |     |     |     |                   |

注：このチャートは、Help メニューからアクセスできます。

# アミノ酸の略語

表 C-4 アミノ酸の略語

| アミノ酸           | 3 文字 | 1 文字 |
|----------------|------|------|
| Alanine        | Ala  | A    |
| Arginine       | Arg  | R    |
| Asparagine     | Asn  | N    |
| Aspartic Acid  | Asp  | D    |
| Cysteine       | Cys  | C    |
| Glutamic Acid  | Glu  | E    |
| Glutamine      | Gln  | Q    |
| Glycine        | Gly  | G    |
| Histidine      | His  | H    |
| Isoleucine     | Ile  | I    |
| Leucine        | Leu  | L    |
| Lysine         | Lys  | K    |
| Methionine     | Met  | M    |
| Phenylalanine  | Phe  | F    |
| Proline        | Pro  | P    |
| Serine         | Ser  | S    |
| Threonine      | Thr  | T    |
| Tryptophan     | Trp  | W    |
| Tyrosine       | Tyr  | Y    |
| Valine         | Val  | V    |
| Any Amino Acid |      | X    |

注：このチャートは、Help メニューからアクセスできます。



# ユーザの権限

## ユーザ権限の表

この付録では、3つのカテゴリのユーザ、アドミニストレータ（Administrator）、サイエンティスト（Scientist）、およびアナリスト（Analyst）が ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェアを使用する場合の権限のリストを示します。

表 D-1 アドミニストレータ レベルのアクセス

| アドミニストレータ レベルのユーザのみに許可されたアクセスの説明 |   |                                                    | Admin | Scientist | Analyst |
|----------------------------------|---|----------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| Admin 専用<br>アクセス                 | 1 | ユーザ アカウントを作成する                                     | 許可    | 無許可       | 無許可     |
|                                  | 2 | ユーザ アカウントをエクスポート / インポートする                         |       |           |         |
|                                  | 3 | SeqScape Manager からプロジェクト / PT/RDG/ ライブラリをエクスポートする |       |           |         |
|                                  | 4 | DataStore 外から SeqScape Manager へオブジェクトをインポートする     |       |           |         |
|                                  | 5 | 自動解析システム用の SeqScape をインストールする                      |       |           |         |

表 D-2 アドミニストレータおよびサイエンティスト レベルのアクセス

| アドミニストレータおよびサイエンティスト レベルのユーザに許可されたアクセスの説明 |    |                                                                                  | Admin | Scientist | Analyst |
|-------------------------------------------|----|----------------------------------------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| SeqScape Manager                          | 1  | SeqScape Manager からオブジェクトを削除する                                                   | 許可    | 許可        | 無許可     |
|                                           | 2  | SeqScape Manager からプロジェクトを削除する                                                   |       |           |         |
|                                           | 3  | オブジェクトに名前を付けて SeqScape Manager に保存する                                             |       |           |         |
|                                           | 4  | SeqScape Manager で新規オブジェクトを作成する                                                  |       |           |         |
|                                           | 5  | SeqScape Manager で新規 Project Template を作成する                                      |       |           |         |
|                                           | 6  | SeqScape Manager で Analysis Defaults を設定する                                       |       |           |         |
|                                           | 7  | SeqScape Manager でライブラリからエントリを削除する                                               |       |           |         |
|                                           | 8  | SeqScape Manager で既存の Project Template の設定を変更する                                  |       |           |         |
| Analysis Protocol および Analysis Settings   | 9  | Analysis Protocol を作成する                                                          | 許可    | 許可        | 無許可     |
|                                           | 10 | 既存の Analysis Protocol を編集する                                                      |       |           |         |
|                                           | 11 | Analysis Protocol をサンプル セット (プロジェクト / サンプル / スペシメン) に適用する                        |       |           |         |
|                                           | 12 | 基本シーケンスの Analysis Protocol を新規作成する                                               |       |           |         |
|                                           | 13 | Analysis Settings または Analysis Defaults で Clear Range の定義を設定する                   |       |           |         |
|                                           | 14 | プロジェクト、PT/SS Manager で Analysis Settings または Analysis Defaults のミックススペースの定義を設定する |       |           |         |



表 D-2 アドミニストレータおよびサイエンティスト レベルのアクセス (続き)

| アドミニストレータおよびサイエンティスト レベルのユーザに許可されたアクセスの説明 |    |                                                                      | Admin | Scientist | Analyst |
|-------------------------------------------|----|----------------------------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| RDG                                       | 15 | RDG: アライメントされた一連の FASTA ファイルから RDG ヘバリエントおよびリファレンスをインポートする           | 許可    | 許可        | 無許可     |
|                                           | 16 | RDG の「General」タブ: 「General」タブで RDG を設定する                             |       |           |         |
|                                           | 17 | RDG の「ROI」タブ: リファレンス データ グループ (RDG) を編集する: レイヤを設定する                  |       |           |         |
|                                           | 18 | RDG の「ROI」タブ: リファレンス データ グループ (RDG) を編集する: ROI を設定する                 |       |           |         |
|                                           | 19 | RDG の「ROI」タブ: リファレンス データ グループ (RDG) を編集して暗黙的なリファレンスを使用する             |       |           |         |
|                                           | 20 | RDG の「ROI」タブ: リファレンス セグメントを追加 / 修正する                                 |       |           |         |
|                                           | 21 | RDG の「ROI」タブ: 組み込まれた RDG のリファレンス セグメント インデックス ベースを変更する               |       |           |         |
|                                           | 22 | RDG の「ROI」タブ: レイヤを削除する                                               |       |           |         |
|                                           | 23 | RDG の「ROI」タブ: リファレンス セグメントを削除する                                      |       |           |         |
|                                           | 24 | RDG の「ROI」タブ: ROI を削除する                                              |       |           |         |
|                                           | 25 | RDG の「ROI」タブ: リファレンス セグメントおよび機能を自動作成するため、GenBank シーケンスを RDG にインポートする |       |           |         |
|                                           | 26 | RDG の「NT Variants」タブ: RDG の NT バリエントを編集する                            |       |           |         |
|                                           | 27 | RDG の「NT Variants」タブ: タブで区切られたテキストから RDG ヘ NT バリエントをインポートする          |       |           |         |
|                                           | 28 | RDG の「AA Variants」タブ: アミノ酸 バリエントを RDG に追加する                          |       |           |         |
|                                           | 29 | RDG の「AA Variants」タブ: RDG の AA バリエントを編集する                            |       |           |         |

表 D-2 アドミニストレータおよびサイエンティスト レベルのアクセス (続き)

| アドミニストレータおよびサイエンティストレベルのユーザに許可されたアクセスの説明 |    |                                                              | Admin | Scientist | Analyst |
|------------------------------------------|----|--------------------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| RDG                                      | 30 | RDG の「AA Variants」タブ: タブで区切られたテキストから RDG へ AA バリエانتをインポートする | 許可    | 許可        | 無許可     |
|                                          | 31 | RDG の「Variant Styles」タブ: 「Variant Styles」タブで RDG を設定する       |       |           |         |
| ライブラリ                                    | 32 | ライブラリ: 既存のライブラリにシーケンスを上書き / 追加する                             | 許可    | 許可        | 無許可     |
|                                          | 33 | ライブラリ: ライブラリのシーケンスデータを編集する                                   |       |           |         |
|                                          | 34 | ライブラリ: ライブラリのデータを Multi-FASTA ファイルとしてエクスポートする                |       |           |         |
|                                          | 35 | ライブラリ: Library Type Manager でライブラリの種類を表示 / 編集する              |       |           |         |
|                                          | 36 | ライブラリ: 新規シーケンス ライブラリを作成する                                    |       |           |         |
| その他                                      | 37 | 「Options」で一般的な動作環境を設定する                                      | 許可    | 許可        | 無許可     |
|                                          | 38 | 「Options」で Sequence Collector (データベース) の環境を設定する              |       |           |         |
|                                          | 39 | 任意のデータ ビューから NT または AA バリエانتを追加する                           |       |           |         |
|                                          | 40 | スペシメン レベルの Analysis Settings を設定する                           |       |           |         |
|                                          | 41 | プロジェクト レベルの Analysis Settings を設定する                          |       |           |         |

表 D-3 アドミニストレータ、サイエンティスト、およびアナリスト レベルのアクセス

| アドミニストレータ、サイエンティスト、<br>およびサイエンティスト レベルのユーザ<br>に許可されたアクセスの説明 |    |                                                      | Admin | Scientist | Analyst |
|-------------------------------------------------------------|----|------------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| レポート                                                        | 1  | レポートを表示する                                            | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 2  | 基本データに戻るリンクが有効になった<br>レポートを表示する                      |       |           |         |
|                                                             | 3  | プロジェクトの編集中にレポートを表示<br>する                             |       |           |         |
|                                                             | 4  | すべてのレポートをエクスポートする                                    |       |           |         |
|                                                             | 5  | カスタマイズされたすべてのレポートを<br>エクスポートする                       |       |           |         |
|                                                             | 6  | すべてのレポートを印刷する                                        |       |           |         |
|                                                             | 7  | Mutations レポートからヘテロ接合フ<br>レーム シフトのリンクを表示する           |       |           |         |
|                                                             | 8  | Reports Manager からレポートを印刷<br>する                      |       |           |         |
| プロジェクト<br>の表示                                               | 9  | スペシメン間でサンプル データを移動<br>する                             | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 10 | SQV および CQV を表示する                                    |       |           |         |
|                                                             | 11 | アライメントされたスペシメン コンセン<br>サスの順序を変更する                    |       |           |         |
|                                                             | 12 | アクティブな Layer ビューを変更する                                |       |           |         |
|                                                             | 13 | サイレント ミューテーションになったバ<br>リエントを表示 / 非表示にする              |       |           |         |
|                                                             | 14 | Specimen ビューで Summary テー<br>ブルをソートする                 |       |           |         |
|                                                             | 15 | サンプル スコアおよびコンセンサス ス<br>コアを表示する                       |       |           |         |
|                                                             | 16 | 縮重したコドンのアミノ酸のヒントを表<br>示する                            |       |           |         |
|                                                             | 17 | メイン ウィンドウでアミノ酸アライメン<br>トを表示する                        |       |           |         |
|                                                             | 18 | Alignment ビューの「Identification」<br>ペインにライブラリ検索結果を表示する |       |           |         |

表 D-3 アドミニストレータ、サイエンティスト、およびアナリスト レベルのアクセス（続き）

| アドミニストレータ、サイエンティスト、<br>およびサイエンティスト レベルのユーザ<br>に許可されたアクセスの説明 |    |                                                                   | Admin | Scientist | Analyst |
|-------------------------------------------------------------|----|-------------------------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| プロジェクト<br>の表示                                               | 19 | エレクトロフェログラム データをアライ<br>ンされたピークとして表示する                             | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 20 | Project Navigator およびメイン ウィン<br>ドウですべてのオブジェクトを表示する                |       |           |         |
|                                                             | 21 | スペシメンの配置を表示する                                                     |       |           |         |
|                                                             | 22 | スペシメン セグメントの「Assembly」<br>タブを表示する                                 |       |           |         |
|                                                             | 23 | Project Navigator および Specimen<br>ビューでアセンブルされていないデータ<br>を表示する     |       |           |         |
|                                                             | 24 | エレクトロフェログラムの抜粋を表示 /<br>移動する                                       |       |           |         |
|                                                             | 25 | スペシメン セグメントのエレクトロフェ<br>ログラム データを表示 / 移動する                         |       |           |         |
|                                                             | 26 | 「Overview」 ペインを使用してプロジェ<br>クトを表示 / 移動する                           |       |           |         |
|                                                             | 27 | 「Sample Manager」 タブでサンプルを<br>表示する                                 |       |           |         |
|                                                             | 28 | 表示ツールバーのボタンを使用してアラ<br>イメントを表示 / 移動する                              |       |           |         |
| プロジェクト<br>- その他の<br>コントロール                                  | 29 | 既存のプロジェクトに新規 Project<br>Template を適用する                            | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 30 | SeqScape のツールバーから新規プロ<br>ジェクトを作成する                                |       |           |         |
|                                                             | 31 | Project Navigator でサンプルを削除<br>する                                  |       |           |         |
|                                                             | 32 | Project Navigator でスペシメンを削除<br>する                                 |       |           |         |
|                                                             | 33 | プロジェクト アライメントを FASTA 形<br>式でエクスポートする                              |       |           |         |
|                                                             | 34 | サンプル データを SEQ、FASTA、また<br>は AB1 形式でエクスポートする                       |       |           |         |
|                                                             | 35 | スペシメン コンセンサス シーケンスま<br>たはアラインされたサンプル シーケンス<br>を FASTA 形式でエクスポートする |       |           |         |

表 D-3 アドミニストレータ、サイエンティスト、およびアナリスト レベルのアクセス (続き)

| アドミニストレータ、サイエンティスト、<br>およびサイエンティスト レベルのユーザ<br>に許可されたアクセスの説明 |    |                                                           | Admin | Scientist | Analyst |
|-------------------------------------------------------------|----|-----------------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| プロジェクト<br>- その他の<br>コントロール                                  | 36 | テキスト セグメントをテキスト形式のス<br>ペシメンにインポートする                       | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 37 | サンプルをプロジェクトにインポート<br>する                                   |       |           |         |
|                                                             | 38 | データベース (Sequence Collector)<br>からプロジェクトへサンプルをインポ<br>ートする  |       |           |         |
|                                                             | 39 | テキストのみのスペシメンをインポート<br>/ 作成する                              |       |           |         |
|                                                             | 40 | プロジェクト内で、組み込まれた設定オ<br>ブジェクトを開く                            |       |           |         |
|                                                             | 41 | 既存のプロジェクトを開く                                              |       |           |         |
|                                                             | 42 | 折り返されたヌクレオチドまたはアミノ<br>酸のプロジェクト アライメントを印刷<br>する            |       |           |         |
|                                                             | 43 | メニューまたはツールバーからプロジェ<br>クトを保存する                             |       |           |         |
|                                                             | 44 | 任意のシーケンス データ内でテキスト文<br>字列を検索する                            |       |           |         |
| 編集                                                          | 45 | オーディット トレール イベントを作成<br>する                                 | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 46 | Project Alignment ビュー: コンセンサ<br>スの Basecall を変更する         |       |           |         |
|                                                             | 47 | Project Alignment ビュー: リファレン<br>スのスペースを挿入 / 削除する          |       |           |         |
|                                                             | 48 | Project Alignment ビュー: スペシメン<br>コンセンサスのスペースを挿入 / 削除<br>する |       |           |         |
|                                                             | 49 | Project Alignment ビュー: コンセンサ<br>スの塩基を挿入 / 削除する            |       |           |         |
|                                                             | 50 | Project Navigator: スペシメン名を変更<br>する                        |       |           |         |
|                                                             | 51 | 「ROI」タブ: RDG のセグメント名を変<br>更する                             |       |           |         |
|                                                             | 52 | Specimen ビュー: サンプルの塩基を変<br>更する                            |       |           |         |
|                                                             | 53 | Specimen ビュー: コンセンサスの<br>Basecall を変更する                   |       |           |         |

表 D-3 アドミニストレータ、サイエンティスト、およびアナリスト レベルのアクセス (続き)

| アドミニストレータ、サイエンティスト、<br>およびサイエンティスト レベルのユーザ<br>に許可されたアクセスの説明 |    |                                                            | Admin | Scientist | Analyst |
|-------------------------------------------------------------|----|------------------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| 編集                                                          | 54 | Specimen ビュー: サンプル データの<br>Clear Range を変更する               | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 55 | Specimen ビュー: サンプルの塩基を挿<br>入 / 削除する                        |       |           |         |
|                                                             | 56 | Specimen ビュー: コンセンサスの塩基<br>を挿入 / 削除する                      |       |           |         |
|                                                             | 57 | 塩基の編集を元に戻す                                                 |       |           |         |
| SeqScape<br>Manager                                         | 58 | SeqScape Manager を開く                                       | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 59 | SeqScape Manager オブジェクトを保存する                               |       |           |         |
| ライブラリ                                                       | 60 | SeqScape Manager でライブラリを表示する                               | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 61 | Project Alignment ビューでライブラリ<br>検索結果を表示する                   |       |           |         |
| Analysis<br>Protocol<br>および<br>Analysis<br>Settings         | 62 | Analysis Protocol を表示する                                    | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 63 | プロジェクト内で既存サンプルの<br>Basecaller の設定を変更する                     |       |           |         |
|                                                             | 64 | プロジェクト内で Analysis Defaults の<br>設定を変更する                    |       |           |         |
|                                                             | 65 | プロジェクトまたは SeqScape<br>Manager で Display Settings を設定<br>する |       |           |         |
|                                                             | 66 | サンプルをベースコーリングせずに<br>BGB を使用してデータを解析する                      |       |           |         |
|                                                             | 67 | BGB を使用してデータを解析する                                          |       |           |         |
|                                                             | 68 | 特定のサンプルをベースコーリングしないよう指定する                                  |       |           |         |

表 D-3 アドミニストレータ、サイエンティスト、およびアナリスト レベルのアクセス (続き)

| アドミニストレータ、サイエンティスト、<br>およびサイエンティスト レベルのユーザ<br>に許可されたアクセスの説明 |    |                                                    | Admin | Scientist | Analyst |
|-------------------------------------------------------------|----|----------------------------------------------------|-------|-----------|---------|
| その他                                                         | 69 | ファイル システム内でデータを検索する                                | 許可    | 許可        | 許可      |
|                                                             | 70 | SeqScape を終了する                                     |       |           |         |
|                                                             | 71 | SeqScape で任意のテーブルのカラム<br>に表示される項目をソートする            |       |           |         |
|                                                             | 72 | クリーンなシステムに SeqScape をイ<br>ンストールする                  |       |           |         |
|                                                             | 73 | SeqScape ソフトウェア v1.0 または<br>v1.1 を v2.0 にアップグレードする |       |           |         |
|                                                             | 74 | SeqScape をアンインストールする                               |       |           |         |
|                                                             | 75 | SeqScape を起動する                                     |       |           |         |
|                                                             | 76 | SeqScape への自動インポート用に<br>Data Collection のサンプルを設定する |       |           |         |





# アライメントされたバリエーションと FASTA ファイル形式

---

# E

この付録では、次の項目について説明します。

|                    |     |
|--------------------|-----|
| タブで区切られたファイル ..... | E-2 |
| FASTA ファイル形式.....  | E-3 |

## タブで区切られたファイル

バリエントは、タブで区切られたテキスト ファイル形式であれば、ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェアにインポートすることができます。

### バリエントのテキスト ファイルの作成

SeqScape ソフトウェアのタブで区切られたテキスト ファイルは、次の条件を満たしている必要があります。

- 1 行に 1 つずつバリエントが記述されていること
- タブで区切られた次のカラム ヘディングを持つこと

| NT バリエントのヘディング   | AA バリエントのヘディング |
|------------------|----------------|
| Type             | Type           |
| ROI              | Layer          |
| NT position      | AA position    |
| Reference        | Reference      |
| Variant          | Variant        |
| Style            | Style          |
| Description      | Description    |
| Used by all ROIs |                |

例を図 E-1 に示します。

| バリエント<br>の種類 | バリエントの<br>ヌクレオチド<br>位置 | リファレンス<br>の塩基 | バリエント<br>の塩基 | バリエントの<br>スタイル | バリエントの<br>説明                                      |
|--------------|------------------------|---------------|--------------|----------------|---------------------------------------------------|
| Type         | NT position            | Reference     | variant      | Style          | Description                                       |
| change base  | 418                    | A             | C            | blue           | "M 41 L Nuc. RTI AZT M41L/T215Y: 60-70-fold;      |
| change base  | 418                    | A             | T            | blue           | "M 41 L Nuc. RTI AZT M41L/T215Y: 60-70-fold;      |
| change base  | 418                    | C             | T            | blue           | "A 62 V Multiple Nuc Res A62V alone has no effect |
| change base  | 491                    | A             | G            | blue           | "K 65 R Nuc. RTI ddi Infrequently observed in     |
| change base  | 496                    | G             | A            | blue           | "D 67 N Nuc. RTI AZT D67N/K70R/T215Y/K219Q: 12    |
| change base  | 503                    | C             | G            | blue           | T69SSG MultinRTI with 506 insertion DeAntoni97    |
| insert after | 506                    | T             | AGTGGT       | blue           | T69SSG MultinRTI DeAntoni97                       |
| change base  | 502                    | A             | T            | blue           | T69SSS MultinRTI with 506 insertion               |
| insert after | 506                    | T             | AGTTCT       | blue           | T69SSG MultinRTI                                  |
| change base  | 503                    | C             | G            | blue           | T69SSA MultinRTI with 506 insertion               |
| change base  | 504                    | T             | C            | blue           | T69SSA MultinRTI with 506 insertion               |
| insert after | 506                    | C             | AGCTCT       | blue           | T69SSG MultinRTI                                  |

図 E-1 バリエントのタブで区切られたテキスト形式の例

# FASTA ファイル形式

注：FASTA に関する情報は、<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/fasta.html> から入手しました。

**FASTA 形式の説明** FASTA 形式のシーケンスは、1 行目に説明があり、その後にシーケンス データの行が続きます。説明の行は、最初のカラムに大なり記号 (>) があるため、シーケンス データと区別できます。

**FASTA 形式の例** FASTA 形式のシーケンスの例を次に示します。

```
>HIV HXB2 Prt-RT1(1-320)
cctcaggtcactcttggcaacgaccctcgtcacaataaagataggggggcaactaaaggaagctctattagatacaggagcagatga
tacagtattagaagaaatgagtttgcagggaagatggaacaaaaatgatagggggaattggagggtttatcaaagtaagacagtatga
tcagatactcatagaaatctgtggacataaagctataggtacagtattagtagacctacacgtgcaacataattggaagaaatctgttga
ctcagattggttgcactttaattttccattagccctattgagactgtaccagtaaaattaaagccaggaatggatggccaaaagttaaac
aatggccattgacagaagaaaaataaaagcattagtagaaattgtacagagatggaaaaggagggaatttcaaaattgggcct
gaaaatccatacaatactccagtatttgcataaagaaaaagacagtactaaatggagaaaattagtagatttcagagaacttaataaga
gaactcaagacttctgggaagtcaattaggaataccacatcccgcagggttaaaaaagaaaaatcagtaacagtactggatgtgggt
gatgcataattttcagttcccttagatgaagacttcaggaagtatactgcattaccatacctagtataacaatgagacaccagggttaga
tatcagtacaatgtgctccacagggtggaaggatcaccagcaatattcgaagtagcatgacaaaaatcttagagccttttagaaaac
aaaatccagacatagttatctatcaatacatggatgatttgtatgtaggatctgacttagaataagggcagcatagaacaaaaatagagga
gctgagacaacatctgttgaggtggggacttaccacaccagacaaaaaacatcagaagaacctccattcctttggatgggttatgaact
ccatcctgataaatggacagtacagcctatagtgtgccagaaaaagacagctggactgtcaatgacatacagaagttagtggggaaat
tgaattgggcaagtcagatttaccagggttaaagtaaggcaattatgtaaactccttagaggaaccaaagcactaacagaagtaatac
cactaacagaagaagcagagctagaactggcagaaaacagagagattctaaaagaaccagtacatggagtgtattatga
```

**IUB/IUPAC コード** シーケンスは、次の場合を除き、標準の IUB/IUPAC アミノ酸および核酸コードで記述されていることが求められます。

- 小文字は容認され、大文字に変換されます。
- アミノ酸シーケンスでは、U および \* (アスタリスク) を使用できます (次の項目を参照してください)。

**注:** FASTA コードでは、ハイフンやダッシュによってヌクレオチド シーケンス内のギャップを表すことができますが、SeqScape ソフトウェアで FASTA 形式を使用する場合は、これらの文字を使用できません。

シーケンスをインポートする前に、シーケンス内の数字やスペースを削除するか、適切な文字コードに置換する必要があります (たとえば、未知の核酸残基を表す N や未知のアミノ酸残基を表す X)。

**サポートされる  
核酸コード**

表 E-1 使用可能な核酸コード

| 文字 | コードが表す内容        |
|----|-----------------|
| A  | Adenosine       |
| C  | Cytidine        |
| G  | Guanine         |
| T  | Thymidine       |
| U  | Uridine         |
| R  | GA (purine)     |
| Y  | TC (pyrimidine) |
| K  | GT (keto)       |
| M  | AC (amino)      |
| S  | GC (strong)     |
| W  | AT (weak)       |
| B  | GTC             |
| D  | GAT             |
| H  | ACT             |
| V  | GCA             |
| N  | AGCT            |

サポートされる  
アミノ酸コード

表 E-2 使用可能なアミノ酸コード

| 文字 | コードが表す内容                 |
|----|--------------------------|
| A  | Alanine                  |
| B  | Aspartate または asparagine |
| C  | Cystine                  |
| D  | Aspartate                |
| E  | Glutamate                |
| F  | Phenylalanine            |
| G  | Glycine                  |
| H  | Histidine                |
| I  | Isoleucine               |
| K  | Lysine                   |
| L  | Leucine                  |
| M  | Methionine               |
| N  | Asparagine               |
| P  | Proline                  |
| Q  | Glutamine                |
| R  | Arginine                 |
| S  | Serine                   |
| T  | Threonine                |
| U  | Selenocysteine           |
| V  | Valine                   |
| W  | Tryptophan               |
| Y  | Tyrosine                 |
| Z  | Glutamate または glutamine  |
| X  | 任意                       |
| *  | 翻訳停止                     |
| -  | 不定長のギャップ                 |



# マルチ アライメント FASTA ファイルの作成

---

# F

この付録では、次の項目について説明します。

|                                                       |     |
|-------------------------------------------------------|-----|
| はじめに.....                                             | F-2 |
| 方法 1: SeqScape ソフトウェアを使用したマルチ アライメント FASTA ファイルの作成..  | F-3 |
| 方法 2: ClustalX ソフトウェアを使用したマルチ アライメント FASTA ファイルの作成... | F-4 |

## はじめに

ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェアのライブラリ検索機能を使用するには、シーケンス ライブラリを作成する必要があります。ライブラリ内のすべてのシーケンスは、長さが同じで、アライメントされている必要があります。

シーケンスの長さが同じですでにアライメントされている場合は、直接 SeqScape ソフトウェアでシーケンス ライブラリを作成してください。

この付録では、ライブラリの作成前にシーケンスを準備するための次の 2 通りの方法について説明します。

- 方法 1 - SeqScape ソフトウェアを使用したマルチ アライメント FASTA ファイルの作成
- 方法 2 - ClustalX ソフトウェアを使用したマルチ アライメント FASTA ファイルの作成

### ClustalX ソフトウェアについて

ClustalX ソフトウェアは、インターネットから無料でダウンロードして利用できる、強力なマルチ シーケンス アライメント プログラムです。

参考文献 : Jeanmougin et al. (1998) Trends Biochem. Sci. 23, 403-5.



## 方法 1: SeqScape ソフトウェアを使用したマルチ アライメント FASTA ファイルの作成

### マルチ アライメント FASTA ファイルの作成

SeqScape ソフトウェアを使用してマルチ アライメント FASTA ファイルを作成するには

注：この手順は、GenBank データベースから HLA シーケンスを入手して行うことができます。ファイル名は、手順内に箇条書きで示しています。

1. 次のリファレンス シーケンスを入手します。
  - gil512471|emblX76776.1|HSHLADMBG
2. シーケンス ライブラリで使用するシーケンスが含まれる次のファイル入手します (.txt または .fasta ファイル)。
  - gi-1045472-gb-U32663.1-HSU32663-Human-MHC-class-II-antigen-HLA-DM-beta-chain-(HLA-DMB)-gene
  - gi-1373022-gb-U31743.1-HSU31743-Human-HLA-DMB-variant-gene
  - gi-2315188-emb-Y14395.1-HSHLADMB3-Homo-sapiens-HLA-DMB-gene
  - gi-512471-emb-X76776.1-HSHLADMBG-H.sapiens-HLA-DMB-gene
  - gi-881918-gb-U16762.1-HSU16762-Human-(DMB)-gene
3. SeqScape ソフトウェアを起動し、手順 1 で入手したファイルを使用して RDG を作成します。
4. Project Template を作成します。
5. 作成した Project Template を使用して新規プロジェクトを開始します。
6. 手順 2 で入手したファイルを追加し、解析します。
7. 「File」> 「Export」を選択します。
8. 「Project Alignment-Nucleotides」を選択します。

このエクスポート ファイルを使用して、SeqScape ソフトウェアでライブラリを作成することができます。

### SeqScape ソフトウェアでのライブラリの作成

SeqScape ソフトウェアでライブラリを作成するには

1. SeqScape ソフトウェアを起動します。
2. 「Tools」> 「SeqScape Manager」を選択します。
3. 「Library」タブを選択し、「New」をクリックします。
4. ライブラリ名を入力します。
5. 「Entries」タブを選択し、「Import」をクリックします。
6. 「Display All File Types」を選択し、マルチ アライメント FASTA ファイルを移動して開きます。

ソフトウェアによってライブラリが作成され、追加されたシーケンス数が表示されます。

## 方法 2: ClustalX ソフトウェアを使用したマルチ アライメント FASTA ファイルの作成

### ClustalX ソフトウェア の入手

ClustalX ソフトウェアを入手するには

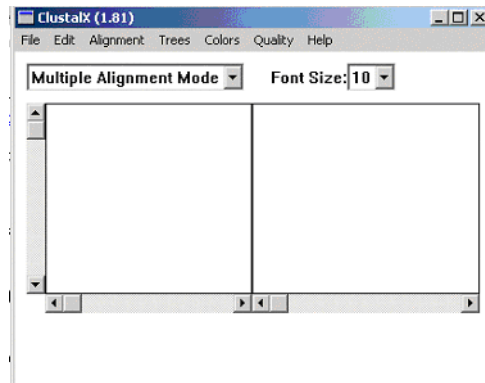
1. インターネット ブラウザを起動し、「ClustalX」を検索するか <http://inn-prot.weizmann.ac.il/software/> にアクセスします。
2. 入手可能なソフトウェア製品のリストから ClustalX ソフトウェアを選択します。
3. ご使用のオペレーティング システム用の ClustalX ソフトウェアを選択します。
4. ソフトウェアをコンピュータにダウンロードします。

### マルチ アライメント FASTA ファイルの 作成

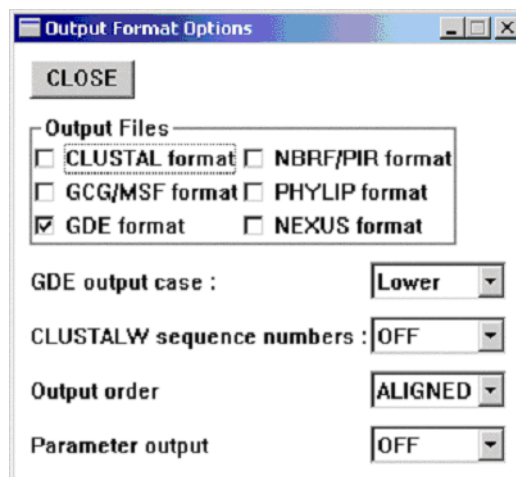
ClustalX ソフトウェアを使用してマルチ アライメント FASTA ファイルを作成するには

注：この手順は、<ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/imgt/mhc/hla/> から HLA シーケンスを入手し、「DRB\_nuc.fasta」を選択して行うことができます。

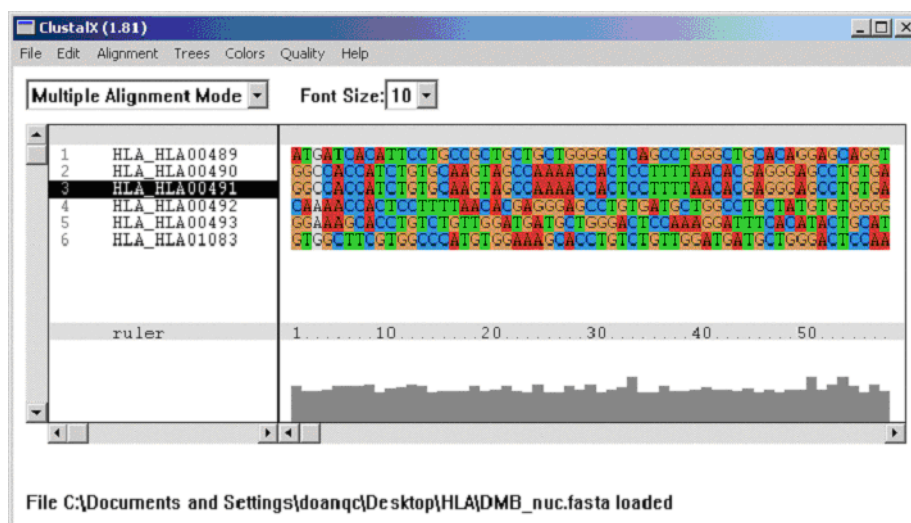
1. ダウンロードしたフォルダを開きます。
2. 「ClustalX」アイコンをダブルクリックします。



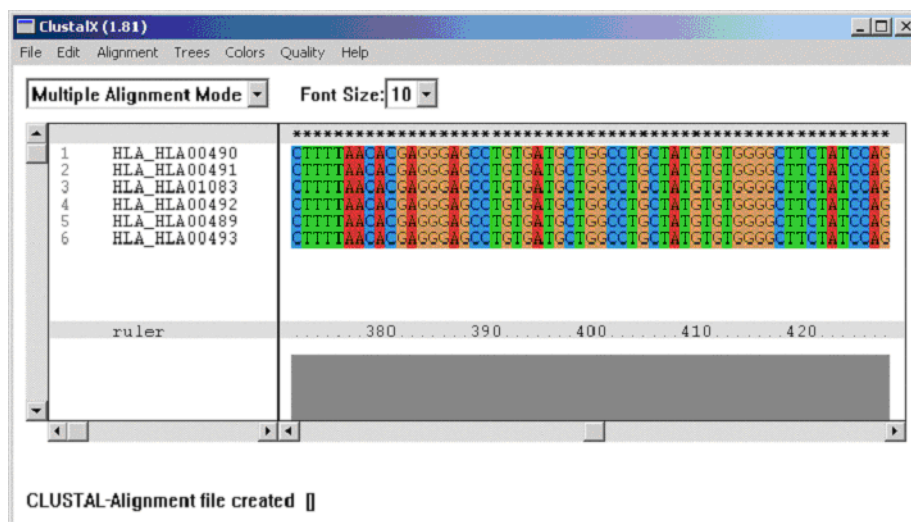
3. 「Multiple Alignment Mode」を選択します。
4. 「Alignment」>「Output Format Options」を選択します。
5. 「GDE format」を選択し、その他のパラメータを次のとおりに設定します。



6. 「File」> 「Load Sequences」を選択します。ファイル入手するには、<http://www.ebi.ac.uk/imgt/hla/> にアクセスし、「Download」タブを選択します。
7. マルチ シーケンス ファイルを移動して選択します。



8. 「Edit」> 「Select All Sequences」を選択します。
9. 「Alignment」> 「Alignment Parameters」> 「Reset All Gaps Before Alignment」を選択します。
10. 「Alignment」> 「Do Complete Alignment」を選択します。
11. 結果を保存する場所を選択するよう求めるダイアログ ボックスが表示されます。保存する場所を選択します。
12. 「ALIGN」ボタンをクリックし、アライメントが完了するまで待機します。塩基が欠損している箇所にはダッシュが挿入されます。



13. 作成したファイルを移動します。このファイルの拡張子は .gde です。

## **.gde ファイルの 文字の編集**

ClustalX で作成した .gde ファイルの文字をテキスト エディタを使用して編集するには

1. Microsoft Word などのテキスト エディタを起動します。
2. 先程作成した .gde ファイルを開きます。
3. 「#」を検索し、すべて「>」に置換します。
4. このファイルを .txt または .fasta 拡張子のテキスト文書として保存します。

注：この文書のシーケンスの形式は、一般にマルチ アライメント FASTA 形式として使用されます。

このファイルを使用して、SeqScape ソフトウェアでライブラリを作成することができます。

## **SeqScape ソフトウェアでの ライブラリの作成**

SeqScape ソフトウェアでライブラリを作成するには

1. SeqScape ソフトウェアを起動します。
2. 「Tools」> 「SeqScape Manager」を選択します。
3. 「Library」タブを選択し、「New」をクリックします。
4. ライブラリ名を入力します。
5. 「Entries」タブを選択し、「Import」をクリックします。
6. 「Display All File Types」を選択し、マルチ アライメント FASTA ファイルを移動して開きます。

ソフトウェアによってライブラリが作成され、追加されたシーケンス数が表示されます。

---

## Computer Configuration

Applied Biosystems supplies or recommends certain configurations of computer hardware, software, and peripherals for use with its instrumentation. Applied Biosystems reserves the right to decline support for or impose extra charges for supporting nonstandard computer configurations or components that have not been supplied or recommended by Applied Biosystems. Applied Biosystems also reserves the right to require that computer hardware and software be restored to the standard configuration prior to providing service or technical support. For systems that have built-in computers or processing units, installing unauthorized hardware or software may void the Warranty or Service Plan.

## Limited Product Warranty

|                                |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|--------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Limited Warranty               | Applied Biosystems warrants that for a period of ninety (90) days from the date the warranty period begins, its ABI PRISM® SeqScape® Software Version 2.1 will perform substantially in accordance with the functions and features described in its accompanying documentation when properly installed on the instrument system for which it is designated, and that for a period of ninety (90) days from the date the warranty period begins, the tapes, diskettes, or other media bearing the software product will be free of defects in materials and workmanship under normal use. If buyer believes that it has discovered a failure of the software to satisfy the foregoing warranty, and if buyer notifies Applied Biosystems of such failure in writing during the ninety (90) day warranty period, and if Applied Biosystems is able to reliably reproduce such failure, then Applied Biosystems, at its sole option, will either (i) provide any software corrections or “bug-fixes” of the identified failure, if and when they become commercially available, to buyer free of charge, or (ii) notify buyer that Applied Biosystems will accept a return of the software from the buyer and, upon such return and removal of the software from buyer's systems, terminate the license to use the software and refund the buyer's purchase price for the software. If there is a defect in the media covered by the above warranty and the media is returned to Applied Biosystems within the ninety (90) day warranty period, Applied Biosystems will replace the defective media. Applied Biosystems does not warrant that the software will meet buyer's requirements or conform exactly to its documentation, or that operation of the software will be uninterrupted or error free. |
| Warranty Period Effective Date | Any applicable warranty period under these sections begins on the earlier of the date of installation or ninety (90) days from the date of shipment for software installed by Applied Biosystems personnel. For all software installed by the buyer or anyone other than Applied Biosystems, the applicable warranty period begins the date the software is delivered to the buyer.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| Warranty Claims                | Warranty claims must be made within the applicable warranty period.                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |

## Warranty Exceptions

The above warranties do not apply to defects resulting from misuse, neglect, or accident, including without limitation: operation outside of the environmental or use specifications, or not in conformance with the instructions for the instrument system, software, or accessories; improper or inadequate maintenance by the user; installation of software or interfacing, or use in combination with software or products, not supplied or authorized by Applied Biosystems; and modification or repair of the product not authorized by Applied Biosystems.

**THE FOREGOING PROVISIONS SET FORTH APPLIED BIOSYSTEMS' SOLE AND EXCLUSIVE REPRESENTATIONS, WARRANTIES, AND OBLIGATIONS WITH RESPECT TO ITS PRODUCTS, AND APPLIED BIOSYSTEMS MAKES NO OTHER WARRANTY OF ANY KIND WHATSOEVER, EXPRESSED OR IMPLIED, INCLUDING WITHOUT LIMITATION, WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE, WHETHER ARISING FROM A STATUTE OR OTHERWISE IN LAW OR FROM A COURSE OF DEALING OR USAGE OF TRADE, ALL OF WHICH ARE EXPRESSLY DISCLAIMED.**

## Warranty Limitations

**THE REMEDIES PROVIDED HEREIN ARE THE BUYER'S SOLE AND EXCLUSIVE REMEDIES. WITHOUT LIMITING THE GENERALITY OF THE FOREGOING, IN NO EVENT SHALL APPLIED BIOSYSTEMS BE LIABLE, WHETHER IN CONTRACT, TORT, WARRANTY, OR UNDER ANY STATUTE (INCLUDING WITHOUT LIMITATION ANY TRADE PRACTICE, UNFAIR COMPETITION, OR OTHER STATUTE OF SIMILAR IMPORT) OR ON ANY OTHER BASIS, FOR DIRECT, INDIRECT, PUNITIVE, INCIDENTAL, MULTIPLE, CONSEQUENTIAL, OR SPECIAL DAMAGES SUSTAINED BY THE BUYER OR ANY OTHER PERSON OR ENTITY, WHETHER OR NOT FORESEEABLE AND WHETHER OR NOT APPLIED BIOSYSTEMS IS ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGES, INCLUDING WITHOUT LIMITATION, DAMAGES ARISING FROM OR RELATED TO LOSS OF USE, LOSS OF DATA, FAILURE OR INTERRUPTION IN THE OPERATION OF ANY EQUIPMENT OR SOFTWARE, DELAY IN REPAIR OR REPLACEMENT, OR FOR LOSS OF REVENUE OR PROFITS, LOSS OF GOOD WILL, LOSS OF BUSINESS, OR OTHER FINANCIAL LOSS OR PERSONAL INJURY OR PROPERTY DAMAGE.**

**NO AGENT, EMPLOYEE, OR REPRESENTATIVE OF APPLIED BIOSYSTEMS HAS ANY AUTHORITY TO MODIFY THE TERMS OF THIS LIMITED WARRANTY STATEMENT OR TO BIND APPLIED BIOSYSTEMS TO ANY AFFIRMATION, REPRESENTATION, OR WARRANTY CONCERNING THE PRODUCT THAT IS NOT CONTAINED IN THIS LIMITED WARRANTY STATEMENT, AND ANY SUCH MODIFICATION, AFFIRMATION, REPRESENTATION, OR WARRANTY MADE BY ANY AGENT, EMPLOYEE, OR REPRESENTATIVE OF APPLIED BIOSYSTEMS WILL NOT BE BINDING ON APPLIED BIOSYSTEMS UNLESS IN A WRITING SIGNED BY AN EXECUTIVE OFFICER OF APPLIED BIOSYSTEMS.**

**THIS WARRANTY IS LIMITED TO THE BUYER OF THE PRODUCT FROM APPLIED BIOSYSTEMS AND IS NOT TRANSFERABLE.**

Some countries or jurisdictions limit the scope of or preclude limitations or exclusion of warranties, of liability, such as liability for gross negligence or willful misconduct, or of remedies or damages, as or to the extent set forth above. In such countries and jurisdictions, the limitation or exclusion of warranties, liability, remedies or damages set forth above shall apply to the fullest extent permitted by law, and shall not apply to the extent prohibited by law.

# 用語集

---

|                    |                                                                                                                                                                         |
|--------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| ABI Basecaller     | ABI PRISM® DNA Sequencing Analysis および ABI PRISM® SeqScape® ソフトウェアの従来バージョンで採用されていたアルゴリズム。                                                                               |
| Analysis Defaults  | Project Template に保存されるデフォルトの Analysis Settings。                                                                                                                        |
| Analysis Protocol  | サンプルの解析を制御するデフォルト設定（ベースコーリング、ミックス ベースの検出、Clear Range とトリミング、およびフィルタリング）。                                                                                                |
| Analysis Settings  | 解析のベースコーリング、トリミング、フィルタリング、アセンブルを管理するパラメータ。                                                                                                                              |
| Assembly ビュー       | アライメントされたサンプル シーケンスのほか、スペシメン コンセンサス シーケンスが表示されます。エレクトロフェログラムおよび Quality Value を表示することも可能です。                                                                             |
| Basecaller         | 解析中にシーケンス内の塩基を判断するアルゴリズム。Basecaller には、KB Basecaller および ABI Basecaller の 2 種類があります。                                                                                    |
| Clear Range        | 5' および 3' までの両末端にあるクオリティの低いまたはエラーの多いシーケンスを除外した残りのシーケンス領域。                                                                                                               |
| Display Settings   | データと結果の表示を管理するパラメータ。                                                                                                                                                    |
| DyeSet/Primer ファイル | DyeSet/Primer ファイルは、ダイとプライマー間のモビリティの差を補正し、DNA の標識に使用されるケミストリに応じてカラーコードの変更を修正します。モビリティ ファイルとも呼ばれます。                                                                      |
| FASTA 形式           | 1 つ以上のシーケンスが保存される標準のテキストベースのファイル形式。                                                                                                                                     |
| IUB/IUPAC          | 国際生化学連合 / 国際純正および応用化学連合。詳細については、 <a href="http://www.chem.qmw.ac.uk/iubmb/misc/naseq.html#300">http://www.chem.qmw.ac.uk/iubmb/misc/naseq.html#300</a> を参照してください。       |
| KB Basecaller      | ミックスベースまたは単一の塩基を計算し、サンプル Quality Value を決定する新たなアルゴリズム。                                                                                                                  |
| Layout ビュー         | サンプル アセンブリの配置が、サンプルの位置と方向を示す矢印とともに表示されます。                                                                                                                               |
| Project Template   | RDG、Analysis Defaults、Display Settings、および Output Settings が含まれます。                                                                                                      |
| Quality Value      | ベースコーリングとコンセンサスコーリング アルゴリズムの確実性を示す指標。値が高いほど、アルゴリズムのエラー確率は低くなります。サンプル Quality Value は、サンプルの塩基ごとの Quality Value を示し、コンセンサス Quality Value は、コンセンサスごとの Quality Value を示します。 |
| Report Manager     | 解析の様々な手順の成功または失敗、統計、ミュートーション、AA バリエーション、およびライブラリ検索情報の詳細が示される、9 種類のレポートが表示されるウィンドウ。                                                                                      |

|                      |                                                                                                                                                                                                                      |
|----------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Sample Manager       | サンプル ファイル名、名前とスペシメン、最後に使用された Basecaller と DyeSet/Primer ファイル、計算されたベースコーリング結果 (Spacing、Peak 1 Location、Start Point および Stop Point)、およびアセンブリ ステータスが表示されるウィンドウ。サンプル名、Basecaller、および DyeSet/Primer ファイルは、このウィンドウで変更できます。 |
| Sample ビュー           | Annotation、Sequence、Feature、Raw Data、Electropherogram など各 AB1 ファイルの特性が表示される SeqScape ソフトウェアのビュー。                                                                                                                     |
| SeqScape Manager     | SeqScape ソフトウェアのプロジェクト、Project Template、RDG、Analysis Defaults、および Display Settings を管理するソフトウェアのコンポーネント。                                                                                                              |
| Specimen ビュー         | コンセンサス シーケンスと、そのコンセンサス シーケンスの作成に使用されたすべてのサンプル ファイルが表示される SeqScape ソフトウェアのビュー。                                                                                                                                        |
| アセンブリ                | 1 つの PCR プロダクトまたはクローンのシーケンシングによって得られる、アライメントされたオーバーラップしている一連のサンプル データ。                                                                                                                                               |
| アドミニストレーション          | アプリケーションのインストール、削除、または更新に関連する SeqScape ソフトウェアの機能。                                                                                                                                                                    |
| アライメント               | アライメントされたスペシメン コンセンサス シーケンスが統合された、アライメントされたリファレンス シーケンス。                                                                                                                                                             |
| アライメントされたアレル ライブラリ   | すべてが同じシーケンスのバリエーションである、アライメントされたシーケンスの集合。これは、SeqScape v2.0 でサポートされている唯一のライブラリの種類です。アライメントされたアレル ライブラリは、異なる遺伝子シーケンスのライブラリなど様々な種類のシーケンスで構成されるライブラリとは異なります。また、アライメントされていないシーケンスのライブラリとも異なります。                           |
| アライメント スコア           | 特定のスペシメンについて、アライメントされたりファレンスとアライメントされたコンセンサス シーケンスが矛盾している数。                                                                                                                                                          |
| アライメント表示             | プロジェクト内のシーケンスのアライメント方法を示す IUB コード、スペース文字、空白、およびドットの表。                                                                                                                                                                |
| アレル                  | 遺伝子座の別の形態。                                                                                                                                                                                                           |
| エクスポート               | SeqScape ソフトウェアの Data Store 内から SeqScape ソフトウェアの Data Store 外へ .ctf または .txt 形式でデータや設定を移動すること。                                                                                                                       |
| コンスタント ポジション         | ライブラリ アライメント内で、ライブラリのすべてのアレルについて一致している位置。「多型位置」を参照してください。                                                                                                                                                            |
| コンスタント ポジションエラー      | スペシメン コンセンサス シーケンス内で、ライブラリのコンスタント ポジションに対応し、その位置でライブラリとの矛盾がある位置。                                                                                                                                                     |
| コンセンサス Quality Value | 「Quality Value」を参照してください。                                                                                                                                                                                            |
| コンセンサス コーラ           | 塩基ごとの Quality Value を持つ正確なコンセンサス シーケンスを作成する解析アルゴリズム。                                                                                                                                                                 |



|                      |                                                                                                                                                                                     |
|----------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| コンセンサス シーケンス         | 生物学的に関連性のあるサンプルのグループから抽出したアセンブリの出力。                                                                                                                                                 |
| コンティグ                | 1 つの PCR プロダクトまたはクローンのシーケンシングによって得られる、アライメントされたオーバーラップしている一連のサンプル データ。アセンブリとも呼ばれます。                                                                                                 |
| サマリ シーケンス            | ライブラリ アライメント全体のサマリ コンセンサス シーケンス。サマリ シーケンス内の塩基の位置は、コンスタント ポジションに対応し、サマリ シーケンス内のミックスベースの位置は、 <b>多型位置</b> に対応しています。                                                                    |
| サンプル Quality Value   | 「Quality Value」を参照してください。                                                                                                                                                           |
| サンプル スコア             | サンプルの Clear Range シーケンスにおける塩基ごとの Quality Value の平均。                                                                                                                                 |
| サンプル データ             | SeqScape ソフトウェアに入力される、シーケンシング装置による単一のレーンまたはキャピラリの出力。                                                                                                                                |
| ジェノタイプ ライブラリ         | アレル シーケンスが単一の塩基またはミックスベース シーケンスのいずれかであるライブラリ。SeqScape は、ジェノタイプ ライブラリに対する検索を行うときに、異なるアレルの組み合わせは検索せずに、コンセンサス シーケンスに最も一致するマッチを見つけようとしています。<br><b>注:</b> この用語は、SeqScape ソフトウェアでは使用しません。 |
| スペース文字               | アライメントされたシーケンス内の文字は、IUB コードまたはスペースのいずれかで、ダッシュ (-) で示される場合もあります。スペースは、この文字列内で削除された塩基、または他のいずれかのアライメントされた文字列に挿入された塩基を示します。                                                            |
| セグメント                | 単一の連続した DNA シーケンスに対応する、リファレンス シーケンスの連続したセグメント。                                                                                                                                      |
| ニブラ                  | Analysis Settings に指定された Clear Range の設定を使用して各サンプルの Clear Range を設定するアルゴリズム。                                                                                                        |
| ハプロタイプ ライブラリ         | アレル シーケンスがすべて単一の塩基のシーケンスであるライブラリ。SeqScape は、ハプロタイプ ライブラリに対する検索を行うときに、一度に 2 つのハプロタイプを組み合わせて、コンセンサス シーケンスに最も一致するジェノタイプ マッチを見つけようとしています。                                               |
| フィルタリングされたサンプル シーケンス | 解析過程で Basecaller/factura/ フィルタリング アルゴリズムによって処理されたサンプル。                                                                                                                              |
| プロジェクト               | 同じリファレンスを共有するか明確なリファレンスが存在しない、関連するシーケンスのグループ。                                                                                                                                       |
| プロジェクト サマリ シーケンス     | スペシメン コンセンサス シーケンスのアライメントのサマリ。                                                                                                                                                      |
| ライブラリ マッチ            | スペシメン コンセンサス シーケンスとほぼ一致する 1 つのアレルまたは 2 つのアレルの対 (ライブラリの種類によります) の名前。                                                                                                                 |
| リファレンス               | 連続し、編集不可で、その方向によってプロジェクトの方向が決定し、RDG に保存されている、という特性を持つヌクレオチドの列。                                                                                                                      |

|                                    |                                                                                    |
|------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------|
| リファレンス データ<br>グループ (RDG)           | リファレンスとリファレンス関連データで構成されるデータ。                                                       |
| リファレンス関連データ                        | 特定の塩基またはリファレンスの塩基範囲に関連しているか割り当てられているもの。リファレンス関連データには、構造データとバリエーション データの 2 種類があります。 |
| 解析                                 | SeqScape ソフトウェアがサンプル データに対してバッチ方式で実行する完全な手順。                                       |
| 決定的位置                              | スペシメン コンセンサス シーケンス内で、ライブラリ検索によって返される一連のマッチの中でそれぞれが異なっている位置。                        |
| 多型位置                               | ライブラリ アライメント内で、ライブラリの一部のアレルについて異なっている位置。「コンスタント ポジション」を参照してください。                   |
| 比較                                 | アライメントされたスペシメン コンセンサス シーケンスと、リファレンス シーケンスおよび関連するリファレンス データとの関係。                    |
| スペシメン                              | 1 つの生物学的ソースまたは PCR プロダクトのすべてのサンプル データを組み立てられたコンティグとして収容する容器。                       |
| スペシメン<br>(コンセンサス) Quality<br>Value | 「Quality Value」を参照してください。                                                          |
| スペシメン<br>(コンセンサス) スコア              | コンセンサス シーケンスに含まれるすべてのコンセンサス Quality Value の平均。                                     |
| スペシメン コンセンサス<br>シーケンス              | コンセンサスコーリング アルゴリズムによって生物学的に関連性のあるサンプルのグループから得られる出力。                                |
| スペシメン レポート                         | スペシメンごとに報告されたすべての情報が統合されたリスト。                                                      |

# 索引

## 数字

- 310 Basecaller と DyeSet/Primer ファイル A-5
- 3100/3100-Avant ソフトウェアの統合 11-2
- 3100 Basecaller と DyeSet/Primer ファイル A-8
- 3100-Avant Basecaller と DyeSet/Primer ファイル A-10
- 3700 Basecaller と DyeSet/Primer ファイル A-12
- 3730 での自動解析に必要なファイル
  - Analysis Protocol 11-4
  - Instrument Protocol 11-4
  - Results Group 11-4
- 3730/3730xl Basecaller と DyeSet/Primer ファイル A-13
- 3730/3730xl ソフトウェアの統合 11-2
- 377 Basecaller と DyeSet/Primer ファイル A-7

## A

- AA Variants レポート 7-22
- AA バリエーション
  - インポート 4-28
  - 入力 4-27
- ABI Basecaller 1-3, 10-3
  - 定義 A-2, 用語集-1
- ABI データ ファイル、サンプル データのインポート 6-12
- Administrator 権限 4-9
- Analysis
  - Protocol の定義 用語集-1
  - QV のレポートへの記録 10-10
  - Settings の指定 3-9
  - Settings の定義 用語集-1
  - レポートの表示 7-17
  - ワークフロー 3-2
- Analysis Defaults
  - サンプルごと 3-12
  - 新規作成 3-3
  - 設定 3-10
  - 定義 用語集-1
- Analysis Defaults の設定 3-10
- Analysis Protocol
  - 作成 3-3

適用 8-8

編集 8-6

- Analysis Protocol Editor のタブ 3-4
- Analysis QC レポート 7-19, 10-10
- Analyst 権限
  - 既存ユーザ 2-7
- 「Annotation」タブのサンプル 6-10
- Applied Biosystems
  - Technical Communications xvi
  - サービスとサポート xvi
  - テクニカル サポート xvi
  - ユーザ マニュアルに関する顧客フィードバック xvi
  - 連絡先 xvi
- Assembly ビューの定義 用語集-1
- 「At PCR Stop」チェック ボックス 3-5
- Audit Trail レポート 7-28
- Authentication & Audit の設定 2-12
- Autoanalysis Manager
  - コンポーネント 11-19
  - 説明 11-2

## B

- Base Frequency レポート 7-25
- Basecaller
  - ABI 1-3
  - ABI、定義 A-2
  - DyeSet/Primer との互換性 A-4
  - KB 1-3
  - KB、定義 A-2
  - 定義 用語集-1
- 「Basecalling」タブの指定 3-4

## C

- Clear Range
  - ウィジェットの使用 8-13
  - タブの説明 3-4
  - 調整 8-12
  - 定義 用語集-1
  - 変更 8-13

Clear Range の調整 8-12

マウスの使用 8-13

ClustalX ソフトウェアの使用 F-1

computer

configuration requirement G-1

technical support for altered configuration G-1

copyright ii

## D

Data Collection ソフトウェア

SeqScape との統合 11-2

詳細情報 11-7

Data Collection と SeqScape でのファイル共有 11-21

Display Settings

指定 3-13

定義 用語集-1

DyeSet/Primer ファイル

定義 用語集-1

パラメータについて 8-6

ファイル名規約 A-2

## F

FASTA

形式、定義 用語集-1

形式の説明 E-3

コード E-4

サポートされるアミノ酸コード E-5

サポートされる核酸コード E-4

多重整列 FASTA ファイルの作成 F-1

テキスト 4-26

ファイル形式 E-2-E-4

「Filter」タブの説明 3-4

## G

GenBank

機能 4-3

ファイルのダウンロード 4-4

「General」タブの説明 3-4

Genotyping レポート 7-29

## I

Instrument Protocol、自動解析用の作成 11-7

IUB/IUPAC の定義 用語集-1

IUPAC Diagram C-2

## K

KB Basecaller 1-3, 10-3

定義 A-2, 用語集-1

## L

Layer

ペインの説明 4-14

Layout ビューの定義 用語集-1

Library Search レポート 7-26

License Disclaimer ii

## M

Mixed Bases

タブの説明 3-4

MSDS の入手 xvi

Mutations レポート 7-20, 10-11

## N

New Project ウィザード、プロジェクトの作成 6-4

NT バリエーション

作成 4-23

説明 4-23

## P

Project Template

インポートとエクスポート 6-26

概要 5-3

作成 5-1

作成、手順 5-3

新規 Analysis Defaults の作成 3-3

新規プロジェクトの作成 6-8

説明 6-8

定義 用語集-1

保存 5-4

「Project」ウィンドウの概要 2-18

## Q

Quality Value (QV) 10-1-10-12

QV の表示 7-3

QV のレポートへの記録 10-10-10-12

値の表 10-3

コンセンサス Quality Value 10-5

サンプル Quality Value 10-3

定義 用語集-1

表示バーのカスタマイズ 10-6

## R

「RDG Properties」ダイアログ ボックス

「ROI」タブ 4-11

RDG (リファレンス データ グループ)

SeqScape Manager を使用した新規作成 4-9

ウィザード 4-4

コピーの保存 4-31

作成 4-1, 4-4

新規ウィザードの使用 4-5

新規作成 4-4

説明 4-3

RDG レポート 7-27

Report Manager、定義 用語集-1

Results Group Editor、自動解析のための完成 11-11

ROI

削除 4-12

タブ 4-11

定義 4-12

ROI の定義 4-12

「ROI」ペイン

カラム 4-15

説明 4-14

## S

Sample

Annotation での結果の表示 7-12

ビューの定義 用語集-2

Sample Manager

解析パラメータの表示 8-3

定義 用語集-2

「Save To Manager As」ボタンの使用 4-31

Scientist 権限 4-9

Segment ビューの表示 7-9

SeqScape

一般的なワークフロー 2-23

メニュー 2-21

SeqScape Manager

RDG の作成 4-4, 4-9

RDG (リファレンス データ グループ)

ウィザード 4-4

アライメントされたシーケンスを使用した  
リファレンスの作成 4-26-4-27

インポート 6-26

ウィンドウの説明 2-17

エクスポート 6-26

質問 B-7

新規 Analysis Defaults の作成 3-3

新規 Project Template の作成 5-3

定義 用語集-2

SeqScape および Data Collection ソフトウェアの  
統合 11-2

Sequence Confirmation レポート 7-24

Set Clear Range の使用 8-14

Specimen

QV のレポートへの記録 10-12

ビューの定義 用語集-2

ビューの表示 7-8

Specimen Statistics レポート 7-23, 10-12

## T

Technical Communications

電子メール アドレス xvi

連絡先 xvi

technical support, for computers with altered  
configuration G-1

trademarks ii

## U

「Use Mixed Base Identification」チェック ボックス 3-6

## V

「Variant Styles」タブ、説明 4-29

## W

warranty

claims G-1

exceptions G-2

for computers with altered configuration G-1

limitations G-2

period G-1

warranty period, effective date G-1

## あ

アセンブリの定義 用語集-2

新しい機能 1-2

アップグレード

1.0、1.1、または 2.0 から 2-7

ソフトウェア 2-7

アドミニストレーションの定義 用語集-2  
 アドミニストレータの権限 D-1  
 アナリシス レポートに関する FAQ B-15  
 アナリスト権限 D-5  
 アミノ酸の略語 C-5  
 アライメント  
     スコアの定義 用語集-2  
     定義 用語集-2  
     表示の定義 用語集-2  
 アライメントされた  
     FASTA ファイルの使用 4-16  
     アレル ライブラリの定義 用語集-2  
 アライメントされたバリエーション E-2-E-4  
 アレルの定義 用語集-2  
 アンインストール手順 2-8  
 安全  
     職場環境 xv  
     人間工学的 xv  
     表記法 xiv

## い

印刷  
     プロジェクトのデータ ビュー 9-12  
     レポート 9-13  
 印刷プレビュー 9-13  
 インストール  
     SeqScape ソフトウェア 2-4  
     アップグレード 2-7  
     準備 2-5  
     初めてのインストール 2-6  
 インストールの準備 2-5  
 インポート  
     AA バリエーション 4-28  
     NT バリエーション 4-25  
     SeqScape Manager から 6-26  
     サンプルの自動 6-9  
     バリエーション 6-21  
     リファレンス セグメント 4-10

## う

ウィザードを使用した RDG の作成 4-5

## え

エクステンション ペナルティの説明 3-9

エクスポート  
     SeqScape Manager から 6-26  
     サンプル 9-7  
     スペシメン 9-5  
     すべてのレポートの自動 9-9  
     セグメント 9-6  
     定義 用語集-2  
     データ ファイル名と形式オプション 9-3  
     プロジェクト 9-4  
     プロジェクト アラインメント 9-4  
     レポート 9-8  
     レポートのファイル名と形式オプション 9-8

## お

オーディット トレール 1-3

## か

解析  
     実行される処理 6-3  
     定義 用語集-4  
     データ 6-16  
     プロジェクト 6-1  
 解析、変更  
     Basecall の設定 3-4  
     Clear Range 手法 3-6  
     フィルタリングの設定 3-8  
     ミックス ベースの設定 3-6  
 解析の実行 1-6, 6-16  
 解析パラメータ  
     説明 8-3  
     変更 8-6  
 拡張リファレンス データ グループ 1-3  
 カスタマイズ  
     データ ビュー 7-34  
     レポート 7-32  
     レポートのヘッダ / フッタ 9-10  
 完成  
     プレート レコード 11-15

## き

キー コード  
     IUPAC Diagram C-2  
     IUPAC/IUB コード C-2  
     アミノ酸の略語 C-5

相補鎖 C-3  
 普遍的遺伝子コード C-4  
 翻訳表 C-1  
 危険  
   説明 xiv  
   反復動作 xv  
 既存ユーザの権限 2-7  
 機能  
   新機能 1-2  
 ギャップ ペナルティと  
   エクステンション ペナルティの説明 3-9

## け

警告  
   説明 xiv  
 警告記号  
   マニュアル内 xv  
 形式  
   FASTA の例 E-3  
   オプションのレポート 9-8  
 決定的位置の定義 用語集-4  
 権限  
   SeqScape の使用 D-1  
   アドミニストレータ D-1  
   アナリスト D-5  
   サイエンティスト D-2

## こ

互換性  
   Basecaller と DyeSet/Primer A-4  
 顧客フィードバック  
   Applied Biosystems 資料 xvi  
 ゴシック体を使用する場合 xiv  
 コンスタント  
   ポジション エラーの定義 用語集-2  
   ポジションの定義 用語集-2  
 コンセンサス  
   Quality Value の定義 用語集-2  
   コーラの定義 用語集-2  
   シーケンスの定義 用語集-3  
   スコア 10-5  
 コンセンサス Quality Value  
   コンセンサス スコア 10-5  
   説明 10-5  
 コンセンサス シーケンス

Project ビューでの編集 8-11  
 Specimen ビューでの編集 8-10  
 組み立てられたシーケンスのインポート 6-15  
 テキストのインポート 6-15  
 コンティグの定義 用語集-3

## さ

サービスとサポートの入手 xvi  
 サイエンティストの権限 D-2  
 再解析  
   データ 8-1  
   データのワークフロー 8-2  
   プロジェクトの名前変更と保存 6-17  
 作業開始前の自動解析 11-4  
 削除  
   ROI 4-12  
   リファレンス セグメント 4-13  
   レイヤ 4-12  
 作成  
   Analysis Protocol 3-3  
   Project Template 5-1  
   Project Template を使用した新規プロジェクト 6-8  
   RDG、Administrator 権限 4-9  
   RDG、Scientist 権限 4-9  
   RDG の説明 4-26  
   自動解析の Analysis Protocol 11-9  
   自動解析用の Instrument Protocol 11-7  
   自動解析用の Results Group 11-11  
   自動解析用のプレート レコード 11-14  
   新規 NT バリエーション 4-23  
   新規ユーザ 2-11  
   新規レイヤ 4-19  
   プロジェクト 6-1  
   プロジェクト New Project ウィザードの使用 6-4  
   プロジェクト、作業を開始する前に 6-2  
   ライブラリ 4-16  
 サマリ シーケンスの定義 用語集-3  
 参照用の相補鎖 C-3  
 サンプル  
   ID 6-9  
   Quality Value の定義 用語集-3  
   エクスポート 9-7  
   塩基の編集 8-10  
   自動インポート 6-9  
   スコア 10-4

スコアの定義 用語集-3  
 データの定義 用語集-3  
 ファイル名 6-9  
 編集 8-10-8-16  
 サンプル Quality Value  
   サンプル スコア 10-3  
   説明 10-3

## し

シーケンシング  
   データの自動解析 11-2  
   モビリティ ファイル A-10-A-13  
 シーケンスの編集 8-9  
 ジェネティック アナライザ アプリケーション 1-4  
 自動解析 11-2  
 重要  
   記述 xiv  
   説明 xiv  
 使用  
   Clear Range ウィジェット 8-13  
   アライメントされた FASTA ファイル 4-16  
 職場環境の安全性 xv  
 資料  
   PDF 版 xvi  
   フィードバック xvi  
   マニュアル関連 xvi  
 新規  
   AA バリエーションの入力 4-27  
   NT バリエーションの作成 4-23  
   Project Template の説明 5-3  
   RDG の作成前の要件 4-9  
   レイヤの作成 4-19  
 新規ユーザ  
   作成 2-11  
   ログイン 2-16

## す

スペース文字の定義 用語集-3  
 スペシメン  
   エクスポート 9-5  
   コンセンサス シーケンスの定義 用語集-4  
   サンプル データの削除 6-16  
   サンプル データの手動追加 6-11-6-16  
   自動作成 6-10  
   追加 6-9

定義 用語集-4  
 プロジェクトへの追加 6-9-6-10  
 レポートの定義 用語集-4  
 スペシメン (コンセンサス)  
   Quality Value の定義 用語集-4  
   スコアの定義 用語集-4

## せ

セグメント  
   エクスポート 9-6  
   定義 用語集-3  
 設定  
   New Project ウィザードを使用した  
   新規プロジェクト 6-4  
   デフォルト ディレクトリ 2-15  
   ライブラリ 4-17  
 前提条件  
   マニュアルの使用 xiii  
 全般に関する質問と回答 B-4

## そ

ソフトウェア  
   アップグレード 2-7  
   概要、構造 2-18  
   自動解析のための関係 11-3  
   提供されているバージョン 2-4  
   統合 11-2  
   登録 2-2  
 ソフトウェアの開始 2-9  
 ソフトウェアの起動 2-9  
 ソフトウェアの削除 2-8  
 ソフトウェアの登録、番号の記録 2-2  
 ソフトウェアの理解、ウィザード 4-5

## た

ダイ プライマー ケミストリのファイル A-9, A-12  
 ダイ ターミネータ ケミストリのファイル A-5, A-10  
 多型位置の定義 用語集-4  
 タブで区切られたテキスト ファイル E-2-E-4  
   NT バリエーションのインポート 4-25

## ち

注、記述 xiv  
 注意  
   説明 xiv



## 注意を促す語句

危険 xiv  
警告 xiv  
重要 xiv  
説明 xiv  
注意 xiv

## つ

## 追加

サンプル 8-5  
スペシメン 6-9  
バリエント、プロジェクト 6-23

## ツールバー

表示 2-20  
メイン 2-19

## て

提供されている SeqScape ソフトウェアの  
バージョン 2-4

## データ

解析 6-16  
再解析 8-1  
表示法 7-3  
編集 8-1  
編集する場合 8-9  
保存 8-16  
リシーケンシング プロジェクトのデータソース 1-5

## 適用

Analysis Protocol 8-8  
既存プロジェクトへのテンプレート 6-17

## テクニカル サポート

「カスタマーサポート」の Web サイト xvi

## テクニカル サポートへの連絡 xvi

## デフォルト ディレクトリの設定 2-15

## テンプレートの保存 5-4

## と

## 統合の自動化 1-3

## 特定装置用の DyeSet/Primer ファイル A-1

## トレーニング情報の入手 xvi

## に

## ニブラの定義 用語集-3

## 人間工学的安全性 xv

## は

## ハードウェアおよびソフトウェア要件 2-3

## ハード ドライブ パーティション 2-3

## 初めてのユーザ 2-9

## パスワード保護 1-3

## ハプロタイプ ライブラリの定義 用語集-3

## バリエント

アライメントされた E-2-E-4

インポート 6-21

スタイルの割当て 4-29

データの表示 7-15, 8-15

データの編集 8-15

テキスト ファイルの作成 E-2

プロジェクト RDG への統合 6-19

プロジェクトへのインポート 6-24-6-25

プロジェクトへの追加 6-21

未知から既知への昇格 6-19

未知から既知への変更 6-19, 6-20

バリエントへのスタイルの割当て 4-29

反復動作による危険 xv

## ひ

## 比較の定義 用語集-4

## 表記法

安全 xiv

ゴシック体 xiv

重要! xiv

注意 xiv

太字 xiv

マニュアル xiii, xiv

メニュー コマンド xiv

ユーザへの注意事項 xiv

## 表示

Sample ビュー 7-12

Segment ビュー 7-9

ツールバー 2-20

プロジェクト結果 7-18

## ふ

ファイル名に使用できない文字 2-9

## フィードバック

Applied Biosystems の資料 xvi

フィルタリングされたサンプル シーケンスの  
定義 用語集-3

フィルタリングの設定表 3-8  
 太字を使用する場合 xiv  
 プレート レコード  
     完成 11-15  
     自動解析のための作成 11-14  
 プロジェクト  
     Segment ビューの表示 7-9  
     エクスポート 9-4  
     概要、ワークフロー 6-2  
     結果の表示 7-18  
     構成項目 6-3  
     サマリ シーケンスの定義 用語集-3  
     スペシメンの作成 6-10  
     スペシメンの追加 6-9-6-10  
     定義 用語集-3  
     データ ビューの印刷 9-12  
     データの保存 7-15  
     バリエーションのインポート 6-24-6-25  
     バリエーションの追加 6-21  
     ビューの表示 7-4  
     別のテンプレートによる再解析 6-17  
 プロジェクトの構成項目 6-3  
  
 へ  
 変更  
     Basecaller ファイル 8-5  
     DyeSet/Primer ファイル 8-5  
     プロジェクト内での設定、例 5-4  
     ユーザ情報 2-14  
 編集  
     Analysis Protocol 8-6  
     データ 8-1  
     データのワークフロー 8-2  
  
 ほ  
 保証  
     権利と責務 2-2  
 保存  
     RDG 4-31  
     RDG のコピー 4-31  
     データ 8-16  
     テンプレート 5-4  
     プロジェクト内での Project Template 5-4  
 翻訳表  
     IUPAC Diagram C-2

IUPAC/IUB コード C-2  
 アミノ酸の略語 C-5  
 相補鎖 C-3  
 普遍的遺伝子コード C-4

## ま

マニュアル  
     表記法 xiii

## み

ミックス ベース  
     設定の指定 3-6  
 ミックスベースの検出 8-7

## め

メイン ツールバー 2-19  
 メニュー構造 2-21  
 メニュー コマンド  
     記述の表記法 xiv

## も

モビリティ ファイルの選択 A-10-A-13

## ゆ

ユーザ  
     権限 D-1  
     情報の変更 2-14  
     新規、ログイン手順 2-16  
     新規作成 2-11  
     ログイン プロセス 2-9  
 ユーザへの注意事項の定義 xiv

## よ

要件  
     ハードウェアおよびソフトウェア 2-3  
 よくある質問 B-1  
     SeqScape Manager B-7  
     解析 B-15  
     全般 B-4  
     レポート B-15

## ら

ライセンスと保証  
     権利と責務 2-2

## ライブラリ

- 検索 1-3
- 作成 4-16
- 設定 4-17
- 説明 4-16
- マッチの定義 用語集-3
- リンク 1-6

## ラン スケジュール 11-6

## リ

## リシーケンシング

- 一般的な用途 1-4
- データ 1-4

## リファレンス

- シーケンスの説明 4-9
- 定義 用語集-3

## リファレンス セグメント

- インポート 4-10
- 削除 4-13
- 設定 4-7
- ペースト 4-12

## リファレンス データ グループ (RDG)

- 定義 用語集-4
- バリエーションの追加 6-21
- プロジェクトへのバリエーションの統合 6-19

## リファレンス ブレークのシーケンスへの追加 4-21

## リファレンス関連データの定義 用語集-4

## れ

## レイヤ

- 削除 4-12
- 作成 4-19

## レポート

- AA Variants 7-22
- Analysis QC 7-19, 10-10
- Audit Trail 7-28
- Base Frequency 7-25
- Genotyping 7-29
- Library Search 7-26
- Mutations 7-20, 10-11
- RDG 7-27
- Sequence Confirmation 7-24
- Specimen Statistics 7-23, 10-12
- 印刷 9-13
- 印刷プレビュー 9-13

## エクスポート 9-8

## カスタマイズ 7-32

## 形式オプション 9-8

## 結果の表示 7-17-7-29

## 種類 7-16

## 新機能 1-3

## すべてのレポートの自動エクスポート 9-9

## 表示 7-17

## ファイル名と形式オプション 9-8

## ヘッダ/フッタのカスタマイズ 9-10

## ろ

## ログイン プロセス

## ユーザ 2-9

## わ

## ワークフロー

## Project Template の作成 5-2

## RDG の作成 4-2

## 一般的 2-23

## 解析の表示 3-2

## 結果の表示 7-2

## データの再解析 8-2

## データの編集 8-2

## プロジェクトの解析 6-2

## プロジェクトの作成 6-2

