【TypeStream Visual】簡易操作説明書

Ver.1.0.0 第1版

作成者	株式会社ベリタス
作成日	2018年3月2日
最終更新日	2018年3月2日

目次

ソフトウェアについて

推奨スペック

以下のパソコンのスペックを推奨する

- \cdot Microsoft® Windows® 7.0, SP1 operating system, 64-bit
- $\cdot\,$ 8-core processor, or 4-core with hyperthreading
- $\cdot \,$ 16 GB RAM
- \cdot 8-bit graphic adapter and display with 1280 x 960 screen resolution
- · Microsoft .NET 4.6.1 Framework (included in installation package)
- · Microsoft Visual C++ 2005 SP1 Redistributable package (included in installation package)
- $\cdot\,$ Microsoft SQL Express 2014 (included in installation package)
- · Crystal Reports 13.0.17 Runtime for .Net 4.6.1 (included in installation package)

※Windows10 でも動くことが確認されている

アクティベーションについて

このソフトウェアは、アクティベーションを行う必要があります。 コントロールパネル→システム内の「コンピューター名」を株式会社ベリタス テックサポート (techservice@veritastk.co.jp)までご連絡ください。 サポートから送られてきたファイルは、「C:¥OLI TSV¥data¥temp」においてください。

(注意)
ライセンスファイルは、1年毎の更新となります。ライセンスが無効になる一ヶ月前に更新の警告がでますので、再度株式会社ベリタス テックサポートまでご連絡ください

基本設定

User の設定

User の確認・変更および新規作成は、以下の場所から行える Profile → List User

また、権限は2種類ある Lab Supervisor: すべての権限がある Lab Technologist

Database の設定

年度ごと、プロジェクトごとなどというように、基本の Database を分けることが可能です。 詳細は、株式会社ベリタスまでお問い合わせください。

リファレンスファイルインストール

Serology Reference file

- 1. Utilities \rightarrow Update Reference \rightarrow Update Reference file を選択
- 2. 「Serology Equivalent」を選択し、「Auto Update」をクリック

NMDP, P and G code

- 1. Utilities → Update Reference → Update Reference file \overline{c} 選択
- 2. 「NMDP」「P Group」「G Group」を選択し、「Auto Update」をクリック

IMGT Library

- 1. Utilities → Update Reference → Update Reference file を選択
- 2. 「Catalog」を選択し、「Auto Update」をクリック
- 3. 下段の「All Catalogs」を選択し、上段のインポートしたい Library にチェックを入れ、「import」をクリック。1 つずつしかインポートできないため、複数を入れたい場合は、この作業を繰り返す

D Update Re

Last Update: 3:29.0/2017.July, Nov 03, 2017

AONE LAMBDA

ero_equivalent_2017.January-Rev1 (____csv ero_equivalent_2017.January-Rev1 csv ero_equivalent_2017.January-csv

Serology E

Import Serology Auto Update

Close

УP	eStrea	m Visual		•		$\circ \circ \circ$					
	Select	Product	1	(Total						
33		NGS			4						
	Select	Filename		Name	Lot	Revision	Nomenclature	IMGT	RevisionNotes		
		ALL-11LX_001_00		ALL-11LX	001	00					
		HLALibrary3.23.0.1		HLALibrary		3 23 0 1		3.23.0.1			
		HLALibrary3.25.0.2		HLALibrary		3.25.0.2		3 25 0 2			
		HLALibrary3.27.0.8		HLALibrary		3.27.0.8		3.27.0.8			
show	these pro	nducte: B ONC	t in TSV DB				Scient A	II Deselect /	NI Import	Clo	

(注意)

最初のインストール時には少し時間がかかることもあります。パソコンがフリーズしているように見える こともありますが、インストールは進んでいますので強制終了などはしないで下さい。

NGS データのインポート&解析スタート方法

NGS データのインポート画面

- 1. Analyze Data \rightarrow NGS を選択
- 2. Add Fastq/BamFile ボタンより、Fastq または Bam ファイルを選択
- 3. Session Name を変更する
- 4. Analysis Parameters よりパラメーターを変更する
- 5. Submib により解析スタート

TypeStream Visual (For Research Use C Analyze Data Reports Data Sample	Dnly) Patient Info Profile Utilities	About Exit				-		×
Image: Session Name: TSV_20180115134936 Catalog: ALL-11LX 001 00	Analysis	Parameters: TSV_DEFAULT IMGT Ver: 3.27.0.8		nt:				Navigat
Set Empty Patient ID	Delete Copy Session	Add Fastq/Bam from Folder	Add Fastq/Bam File	Fastq SampleName	Save	Submit	Clos	-) ¥ e
Sei Barcoue Sample ID	Date Date	Source	r dueni. Firsi	Name Last Name	hace	Fal	ient/Dono	

	表記	解說
1	Session Name	解析名
2	Analysis Parameter	デフォルトで入っている解析領域は次のとおり ・TSV_DEFAULT:A,B,C,DRB1,DRB345,DQB1,DPB1,DQA1,DPA1 ・TSV_9Loci:A,B,C,DRB1,DRB345,DQB1,DPB1 カスタマイズしたい場合は、Utilities → Analysis Parameter Config より変更でき る
3	IMGT Ver	IMGT のバージョンを選べる
4	Add Fastq/Bam from Folder	1 つのフォルダに入っているすべての Fastq もしくは Bam ファイルを加える時に使用する
5	Add Fastq/Bam File	特定の Fastq もしくは Bam ファイルを加える時に使用する
6	Submit	解析スタート

インポートするファイルについて

インポートできる NGS ファイルは Fastq か Bam ファイルである。 以下のようなファイル名にすると、バーコード No、サンプル名が自動でインポートされる。

IonPGM もしくは S5 の場合

IonXpress_barcode.samplename_otherinfo.bam IonXpress_barcode.samplename_otherinfo.fastq MiSeq の場合 Samplename_S#_L###_R1_###.fastq Samplename_S#_L###_R2_###.fastq

(注意)
Fastq/Bam ファイルを置く場所は、Fastq ファイルを置くフォルダに日本語が混じっていると、パスが通らず、解析ができないので、英語のみの場所とする

解析操作



解析を行うためには、右端の該当の Session 名をダブルクリック また、解析中の Session の進行具合は、左下の Job Manager is enabled の項目に表示される

解析中の画面

	100110	Demo		A	nalysis Date	2018/01/15	State	n In Proce	ss Samples	10 IMGT Ver 3	27.0.8	Typ	eStream	Ver 10.0.2	7282	nalysis Pa	arameters Comment:				
0 B	DPB1	DRB1	Show DRB345 DPA1	* 2	Health Number	Missed	2	Show All	3 Health □ Key □ Mis	Metric S Exon Coverage C match in Exon	how All] Uniformity] Allele Bal	4 ance	Warning	Flae ible Null (ozyeous)) Break In Pi) Intron Misr	Show All hase _ Li natch	inkaee 🗌 High Ekend Ev	Barcode	Show All		
50	8	larcode S	ample ID		Patient ID	More Test	Total Rea	d Count	Avg Read Leng	Analysis Status			System C	ommenta					User Comments		
	Locus	Allele 1	1	KN1] 1	Notes 1	Alk	de 2	lkwils	Notes 2	Final Assignment	#G	# 8	Total Reads	Mapped Reads	Min Coverage	Max Coverage	System Comments	UserComments	1	Coverage	
•	A	A*31.01 [+]		[0/0/0]	Low Coverage	A*33:03:01		000			1	0	6867	4655	32	743	Missed health metric .			-	
0	8	B*44 [+]		[0/0/4]	Low Coverage	B*52:01:01	02	[0:0:0]			1	2	7712	4624	26	897	Missed health metric		~		
0	c	C=12 [+]		10001	Low Coverage	C*14.03		lovel			1	1	6416	4309	39	756	Missed health metric		~		
0	DRB1	DRB1*13.02.01		10/0/31	NEW/	DRB1*15	-1	10/0/01			1	1	18996	11551	192	2143	Warning: mismatch i				
0	0R8345	5 DR83103-01-01		[0/0/1]	NEW	DR85*01.0	2	10:001			1	0	27941	17258	313	2865	Warning: mismatch i			A	
0	DQA1	DQA1*01:02:01		[0/0/1]	NEW	DQA1*01:0	13:01:01	(000)			1	4	39994	25170	1270	2614	Warning: mismatch i_		m	~~~	-
0	DQB1	DQ81106:01 [+		[0/0/2]	NEW	DQ81106-0	4:01	[0/0/4]	NEW		1	0	21135	14410	86	2340	Warning: mismatch i			ma	
0	DPA1	DPA1*01.03.01	01	[0:0:07]		DPA1*02.0	1.01.02	[0:0:07]			1	0	79514	30023	2321	2828			man		
0	OP81	DP81704:01:01	07	10001		DP81109:0	1:01	10001			1	2	24447	13127	132	1417	Warning: Two or mor			And	
Sel	8	larcode 5	ample ID		Patient ID	More Test	Total Rea	d Count	Avg Read Length	Analysis Status			System C	omments					User Comments		
		018 5	30elqms						0	In Process											
		019 \$	ample03						0	Not Submitted											
		020 5	ample04						Q	Not Submitted											
		021 5	emple05						0	Not Submitted											
		022 5	ample06						0	Not Submitted											

	表記	解說
1	Locus	遺伝子座ごとに、ソートが可能
2	Health Number Missed	ミスマッチの個数により、色分けで表している詳細は、ローカス画面の項目を参照
		次の項目別にソートすることが可能
		Key Exon Coverage: ClassI はエクソン 2,3、 ClassII はエクソン 2 において、カバレッ
9	TT. 141. M. 4.	ジが 100%にならない場合
3	Health Metric	Mismatch in Exon:エクソン内にリファレンス配列と異なる塩基があった場合
		Uniformity:リードのデプスが均一ではない場合
		Allele Balance:対立アリルのデプスのバランスが 0.3 以下の場合
		次の項目別にソートすることが可能
		Possible Null:ヌルアリルをもつ可能性のある遺伝子座
		Homozygous:ホモアリルの可能性のある遺伝子座
4	W The	Break in Phase:少なくとも2つ以上のアリルの組み合わせがある遺伝子座
4	warning Flag	Intron Mismatch:イントロン内にリファレンス配列と異なる塩基があった遺伝子座
		Linkage: DRB1とDRB345、DRB1とDQB1のリンゲージが既知の主なリンゲージと
		異なるサンプル
		High Background Exon:キーエクソンのバックグラウンドが高い遺伝子座
		Batch Saved:解析終了。このサンプルに関しては、詳細を確認が可能。ただし、解析速
F	Analusia Status	度は遅くなる。
່	Analysis Status	In Press:解析中
		Not Submitted:解析待ち

ローカス画面

			2	3					4						5		6
1	Locus	Allele 1	(K/N/I) 1	Notes 1	Allele 2	[KNI]2	Notes 2	Final Assignment	#G	# B	Total Reads	Mapped Reads	Min Coverage	Max Coverage	System Comments	UserComments	Coverage
0	A	A*24:02:01:01	[0/0/0]		A*24:02:01:01	[0:0:0]			1	0	4482	2808	37	431	Warning: Locus is ho.		
-	8	B*07 [+]	(DOC)	Low Coverage	8*48:01:01 [+]	(orad)			ż	3	5443	3123	12	504	Missed health metric.		
0	с	C*07 [+]	10/0/01	Low Coverage	C*08 [+]	[0/0/1]	Low Coverage		1	1	4308	2604	23	449	Missed health metric	-	
0	DRB1	DR81*01:01:01 7	[0/0/1]	NEW	DR81*04-03-01	[0/0/3]	NEW		1	0	18223	10457	256	1413	Warning: mismatch i.,		
0	OR8345	5 DR84"01:03:01 [+]	[0/0/1]	NEW	DR84*01:03:01 [+]	[0/0/1]	NEW		1	0	9195	5518	249	821	Warning: mismatch i		
0	DQA1	DQA1*01:01:01:01	(0007		DQA1*03:01:01	[0/0/1]	NEW		1	0	40922	23870	1958	5212	Warning: mismatch i.		
0	DQ81	DQB1*03.02.01 [+]	[0/0/1]	NEW	DQB1*05.01:01 [+]	[0/0/2]	NEW		1	0	17824	11619	146	1971	Warning: mismatch I.,		
0	DPA1	DPA1*01:03:01:01	[0:0:0"]		DPA1*01:03:01:05	[0:0:0]			1	3	78335	26010	2304	2918	Warning: Two or mor.		
2	DPB1	DPB1*02.01.02 [+]	10/0/21	NEW	DP61*04.02:01 [+]	10/0/15	NEW		2	2	21478	11720	140	1537	Warning: mismatch i		A

	表記	解説
		「Full Exon Coverage」「Mismatch in Exon」「Uniformity」「Allele Balance」のうち、
		いくつミスマッチがあるかを色分けで表している。
		緑:0、水色:1つ、黄色:2つ、オレンジ:3つ、赤:4つ
1		マウスを各フラグに合わせるとコメントが出る
		DQA1 DQA1*0
		アリルのミスマッチ個数
	r .	K:Kev エクソン (ClassI はエクソン 2.3, ClassII はエクソン 2)のミスマッチ個数
2	[K/N/I]	N·NonKey エクソンのミスマッチ個数
		【:イントロンのミスマッチ個数
		NEW. Low Coverage, NO CALL 等のコメントが入る
		New:新規アリルの可能性がある場合
3	Note	Low Coverage: Coverage が低い(デフォルトだと20リード以下)場合
		NO CALL:該当するアリル候補がない場合
		アリル候補の個数
4	#G	1: 左の表記の組み合わせのみ
		2:Cis/Transの組み合わせがある(ローカスの背景が緑色になる)
-	0	各アリルに関するコメントが表示される
Э	Comment	ホモと判定された場合も、注意喚起として、「Warming」と出る
		ダブルクリックすると、拡大される
		緑色:Allele1
0	0	青色:Allele2
6	Coverage	灰色:Allele1とAllele2の共通
		紫色のバー:エクソン領域
		水色のバー:両アリルの共通配列領域
		候補アリルが複数ある場合は、アリル名の後に[+]が出る。[+]にマウスを合わせると、候補
		アリルが出る
7	Allele 名[+]	DQB1 DQB1*03:03:02 [+] [0/0/2]
	Allele 名(r)	_ レアアリルが出た場合は、アリル名の後に(r)がつく
	アリル名の上で、ダブ	ルクリックすると、アリル画面へ移動する

アリル画面

Config Comments	Academia Parameter				<u> </u>					T O
Comments	T reminered				Ŭ				More Test	Patient Assign Alele Par Alele Code Save Confin
	81						System	m Gomments		
Locus	Allele Pair	[K/N/I] 1	[K/NI] 2	#8	IG		Allele 1	Allele 2	Allele Code Serology Resolving Positions Close Match	List
*	A102-07-01 A124 02:01:01	(CANO)	lowal	1	1		A*02:07:01	A*24:02:01:01	A*02:07 A*24:02	
B	B*15 B*40	toroidt	toroio.3	1.	1		Allele 1	Allele 2		
c	C103 C103	(0/0/0)	(crored	0	1		A*02:07:01	A*24:02:01:01		
DR8346	DRB3*02.02.01 DRB4*01.03.01	(D/D/4)	(prorol)	2	1			1		
DRB1	DR81*04:03:01 DR81*14:06:01	6 10/0/23	tororold	1	1					
DQA1	DQA1*03:01:01 DQA1*06:03	lowel	(DADIA)	0	1					
DOB1	DQ81*03:01:01 DQ81*03:02:01	(riad)	low1	0	1					
DPA1	DPA1*01:03:01:01 DPA1*01:03:01:01	to/o/o/l	lovoio.d	0	1					
DPB1	DPB1*02:01:02 DPB1*02:01:02	(DVD/D)	(provo)	0	1					
		Warning: Two or more var has a high background po	ants cannot be sition in exon	phased.	Locus					
						Atsi	enments Coverage Stats He	salth Stats Variant	1	
							Allele 1	Allele 2	Final Allele Code	Final Sero Assignment
	1						Final 1 9 2 () 3 () 4 fields () 2	** ** ** **		

	表記	解説
1	Summary	サマリー(ローカス)画面に戻る
2	サンプル名	参照したいサンプルを選べる
3	Show Read Coverage	リード画面に移動する
4	Save	各アリルの組み合わせが決まれば、確定ボタンとして使用できる。確定すると、アリル名が緑背景になる。ただし、取り消しできない。(Lab Technologis、Lab Supervisor 共に権限がある)
5	Confirm	各アリルの組み合わせが決まれば、確定ボタンとして使用できる。確定すると、アリル名が紫背景になるただし、取り消しできない(Lab Supervisor のみ権限がある)
6	ローカス	ローカスをクリックすると、各ローカスの詳細に移動する

Resolving Positions タブ

リファレンス配列とのミスマッチを含む対立遺伝子について、ミスマッチ位置、その位置のリファレンス配列の塩基およびコンセンサス配列の塩基を表している。ミスマッチ位置をダブルクリックすると、リード画面が開き、ミスマッチ位置が示させる

Allele Code	Serology Resolv	ing Positions Close	e Match L	.ist	1				
Allele 1					Allele 2				
[DRB4*01:03:02					DRB4*01:03:02			
[K/N/I]	Allele	Position	Ref	Cons	[K/N/I]	Allele	Position	Ref	Cons
[0/0/1*]	DRB4*01:03:02	11-7695	Т	C	[0/0/1*]	DRB4*01:03:02	11-7695	Т	C

上記の例では、コンセンサス配列は Intron1-7695 の位置が C であり、候補のリファレンス配列である DRB4*01:03:02 は T である

Close Match List タブ

完全一致したアリルと近いアリルのリストを示す。表示方式は、Resolving Positions タブと同じ

Allele 1 [0/0/0] A*02:07:01				Allele 2 [0/0/0] A*24:02:01:01						
[K/N/I]	Allele	Position	Ref	Cons	[K/N/I]	Allele	Position	Ref	Cons	^
[0/1*/0*]	A*02:07:02	E4-1721	Т	С	[0/0/1]	A*24:02:01:02L	12-708	A	G	
[0/1*/0*]	A*02:07:03	E4-1781	A	G	[0/0/1]	A*24:02:01:04	16-2678	Т	С	
[0/1*/0*]	A*02:07:04	E4-1757	A	G	[0/0/1*]	A*24:02:01:05	13-1384	G	A	
[0/1*/0*]	A*02:07:05	E4-1778	G	A	[0/0/1*]	A*24:02:01:06	15-2410	G	С	
[0/1*/0*]	A*02:07:07	E1-6	G	С	[0/0/1*]	A*24:02:01:07	13-1565	Т	G	
[0/1/0*]	A*02:15N	E4-1793	A	С	[0/0/1*]	A*24:02:01:08	13-1248	Т	С	
[0/1/0*]	A*02:265	E4-1666	G	Т	[0/0/1*]	A*24:02:01:10	15-2425	Т	G	
[0/1*/0*]	A*02:426	E4-1713	A	G	[0/0/3]	A*24:02:01:09	UTR3-3037		Т	
[0/1*/0*]	A*02:452	E4-1807	G	A			UTR3-3037.	Т		
	<u>6</u>		-				13-1505 1	Δ		

E主 致した) ジルと近い ジジルジジストを示す。 衣木ガス(a、 Resolving Fositions ジンと

上記の例では、A:02:07:01 がタイピング結果であるが、近いアリルとして、A*02:07:02や A*02:07:03 などが挙げられ、 異なる場所が表にあげられている。

Allele Assignment タブ

アリルが決定したら、上記のアリルの組み合わせをダブルクリックすると、下記のAssignment タブに決定アリルが入る



All	ele 1	Allele 2	
A*02:07:01		A*24:02:01:01	
<			>
€ (0) 2 () 3	inal 1	Final 2) 4 fields
		A*24:02	
A*02:07		Second States	

Final Allele Assignment の欄に色がついた場合は以下の通り

赤色:Key エクソン(ClassI はエクソン 2,3、ClassII はエクソン 2)にミスマッチがある 黄色:non-key エクソンにミスマッチがある 緑色:イントロンにミスマッチがある

リード画面		

Read Coverage			- 🗆 X
I View Difference	143 8 n 82 u 83	and the second s	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
< > Tools 🗧 🗲			
variante hishBackground A*02:07:01 hishBackground A*02:07:01 lowCoverage A*02:07:01 lowCoverage A*02:07:01 contig track			
**************************************	E4-645. E4-675 E4-617 E4-637 0 Å Å G C Å C C C T G Å G G T G C T G G G C C C T G Å G C T T C T Å C C C T G G 0 Å B G C Å C T C T G Å G Å T G C T G G G C C C T G G G C C T C T Å C C C T G C G	E4-705 E4-715 E4-725 E4-738 0.5 0.5 1.7 0.7 0.7 0.7 0.7 0.7 0.7 0.7 0.7 0.7 0	24-746 24-756 24-746 24-7 CA © A C A C © C A C C C C C C C C C C C
Info Detail Liste			
[2179] E4-1698, E4-748 Codon: 226 Ref 1: CAG (Gin Q) Ref 2: CAG (Gin Q)			
Read Depth: 563 A*02:07:01 Ref Base: C C: 100.00% (301)	· • •		
A*24:02:01:01 Ref Base: C C: 99.62% (261) D: 0.38* (1)	1.1	5	
4			
	Ŧ		
			The second se

	解説						
	View Difference:2 つのアリル間で異なる塩基のみ表示される						
1	View Base: すべての塩基が表示される						
	View Raw Base:						
2	アノテーション(語	羊細は後述)					
3	2 つのアリル間で、異なる塩基の位置には、オレンジ色の背景がつく						
4	5の画面のカー	5の画面のカーソルを合わせた位置の詳細					
	IonPGM/	オレンジ:Forward Reads					
	IonS5 の場	青:Reverse Reads					
	合	グレー:その位置の直前に挿入塩基がある。マウスを合わせると、挿入塩基が表示される					
		濃い緑:オーバーラップしたペアエンドのリード					
5	緑:gap between reads from paired-end						
	MiSeq の場	濃いオレンジ: cross allele 1 & 2 forward reads					
	合	オレンジ:Forward Reads					
		青:Reverse Reads					
		濃い青:cross allele 1 & 2 reverse reads					

アノテーションについて

リードの色は以下のとおり

名前	解説	色
Variants	ヘテロの位置	オレンジ
MismatchPos_[Allele 1/2]	Allele1/2 のミスマッチの位置	赤
HighBackGround_[Allele 1/2]	バックグラウンドが高い位置	紫もしくは水色
LowCoverage_[Allele 1/2]	Coverage が低い(デフォルトだと20リード以下)位置	緑

データのアウトプット

現状、TSV 上でフォルダ移動等を行うことは不可能ですが、終了等の解析分は、Export して管理することは可能です。 また、一旦 Export したものでも、再 Import し、再解析することも可能です。

セッションの Export 方法

- 1. Data を選択
- 2. Export したい session 名にチェックを入れ(複数でも可)、「Export to ZIP」をクリック
- 3. Export した ZIP ファイルは、C:¥OLI TSV¥data¥temp フォルダに入る

セッションの import 方法

- 1. Data を選択し、下の「Import from Zip」をクリック
- 2. Import したい Session の Zip ファイルを選択

🔡 TypeStream	n Visual (For Research Use Only)					– 🗆 X		
Analyze Data Reports Data Sample Patient Info Profile Utilities About Exit								
û 📅	🎒 📃 🗛 🔜 📬	A 🗧	\$0					
		Sorted Select Level				Navigator		
		Select O Session Date O Test Date (Session Sample ID	O Patient ID		Group: Product Test Date		
Session:	* ~		Session Info			🔾 Catalog 🔵 Session Date		
Sample ID:	*	TSV_20171106180102	Session:	TSV_20171102005111		B NGS		
oumpie ro.			Catalog ID:	ALL-11LX_001_00		TSV_20171106180102 TSV_20171110181116		
		$ $ \vee	Catalog Type:	NGS		TSV_20171110173808		
Patient or	*		Tray Status:	PROCESSED				
bono ibi			Sample Count:	10				
			Analyzed Samples:	10				
Family ID:	*		Confirmed Samples:	0				
Session Status:	* ~		Archived:					
Catalog Type:	* ~		System Comment:					
Catalog ID:	* ~							
Test Date:								
Session Date:	2017/10/27 🗸 2017/11/10 🧹							
Archived/Active	e \star 🗸		User Comment:					
	Reset Find							
				Save				
Expand All	Expand All Import from Zp Export to Zp Archive Unarchive Close							
<u> User Name</u> :	Yuki Server Name: (local)¥F	USION_SQL14EXP Database Name: New D	atabase Ver 1.0.0	-				

 (注意)
ZIP ファイルの名前を変えると再 Import ができなくなる。
Zip ファイルの保存場所を変更しても、再 Import は可能。ただし、保存する場所のフォルダ名に日本語 が混じっているとパスがとおらないため、保存先には注意が必要。
再 Import すると、以前に行った「Confirm」や「Save」は消える。

FAQ

Q:再解析で現在の結果の上書きはできないのか? A:できない。新たなセッションとして、再解析される

Q:一旦インストールしたライブラリーを削除できるか?

A: The users can import any NMDP code prior to analyzing their barcodes through the 'Update Reference Update Reference File à NMDP', selecting their desired NMDP code and then importing or you can Archive or delete library files from Catalog management.

Q:Save もしくは Confirm を取り消すことはできるか?

A:できない。再度 Save や Confirm を行いたい場合は、再解析を行ってください。