【TypeStream Visual】簡易操作説明書

第 1 版

目次

【TypeStream Visual】簡易操作説明書 1
目次 2
推奨スペック 3
基本設定 3
NGS データのインポート＆解析スタート 4
解析操作 5
データのアウトプット 8

推奨スペック

Minimum Software Required
- Microsoft Windows™ 7.0 SP1, 64-bit OS
- Microsoft .NET 4.6.1 Framework
- Microsoft Visual C++ 2005 SP1 Redistributable package – included in installation
- Crystal Reports 13.0.17 Runtime for .Net 4.6.1 – included in installation
- The system requires Microsoft SQL 2014 Server – included in the installation

Minimum Hardware Required
Minimum required hardware for TypeStream Visual.
- The system shall support an 8-bit graphic adapter and display (for 256 simultaneous colors)
- The system requires a mouse or other Windows□ compatible pointing device.
- The system shall operate on a VGA display with 1280 x 960 screen resolution.
- The system shall run on a 8-core processor or 4-core with hyperthreading.
- Minimum of 16GB RAM.

※Windows10 でも動くことが確認されている

基本設定

User の設定

User の設定は、以下の場所から行える

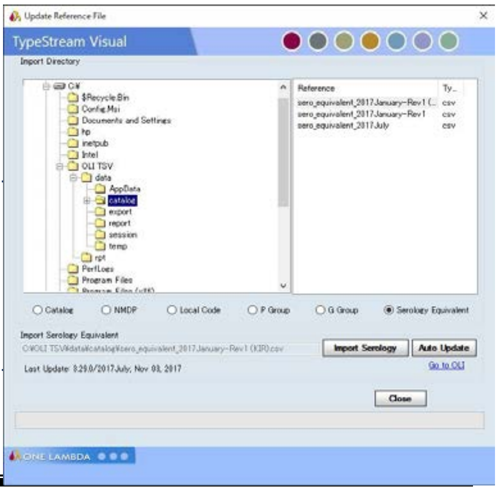
また、権限は 2 種類ある
Lab Supervisor：すべての権限がある
Lab Technologis：

Database の設定

リファレンスファイルインストール

Serology Reference file

1. Utilities → Update Reference → 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 を選択
2. 「NMDP」「P Group」「G Group」を選択し、「Auto Update」をクリック

IMGT Library

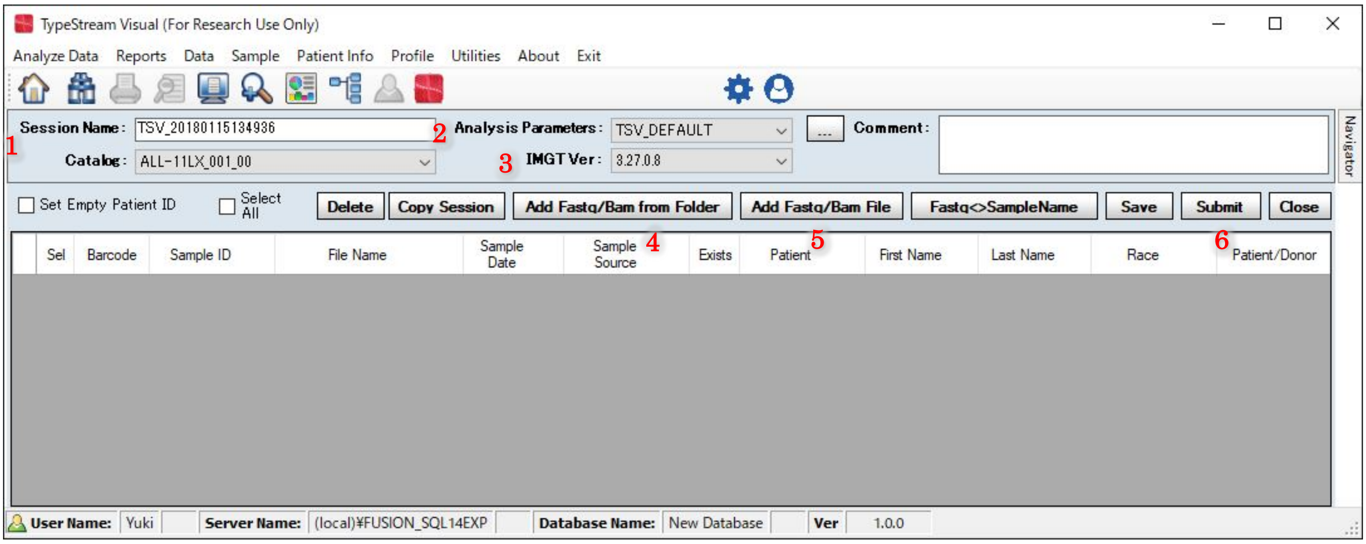
1. Utilities → Update Reference → Update Reference file を選択

2.　「Catalog」を選択し、「Auto Update」をクリック
※最初のインストール時には少し時間がかかることもある。パソコンがフリーズしているように見えることもあるが、インストールは進んでいる

NGS データのインポート＆解析スタート

NGS データのインポート画面

1.　Analyze Data　→　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



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

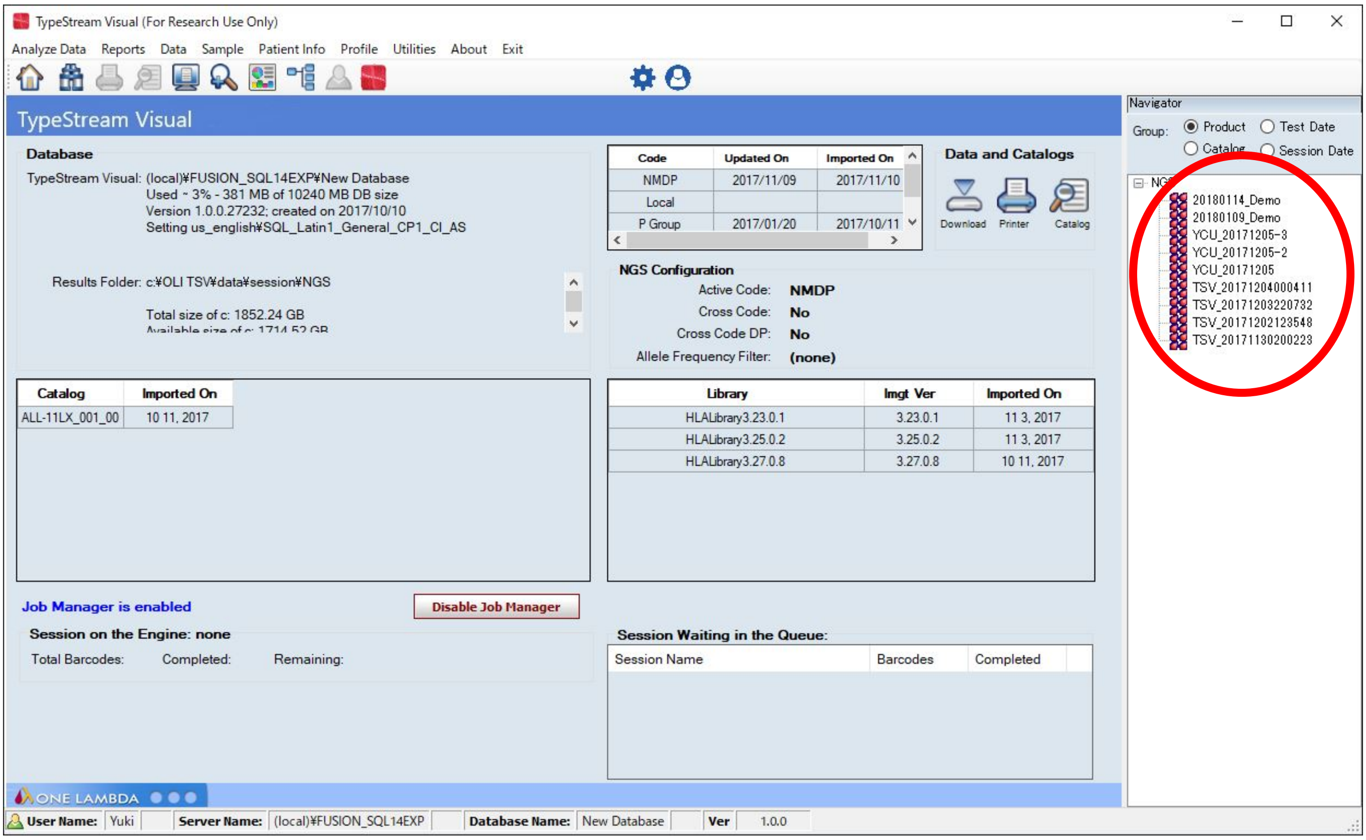
インポートできる NGS ファイルは Fastq か Bam ファイルである。
以下のようなファイル名にすると、バーコード No、サンプル名が自動でインポートされる。

IonPGM もしくは S5 の場合
　IonXpress_barcode.samplename_otherinfo.bam
　IonXpress_barcode.samplename_otherinfo.fastq

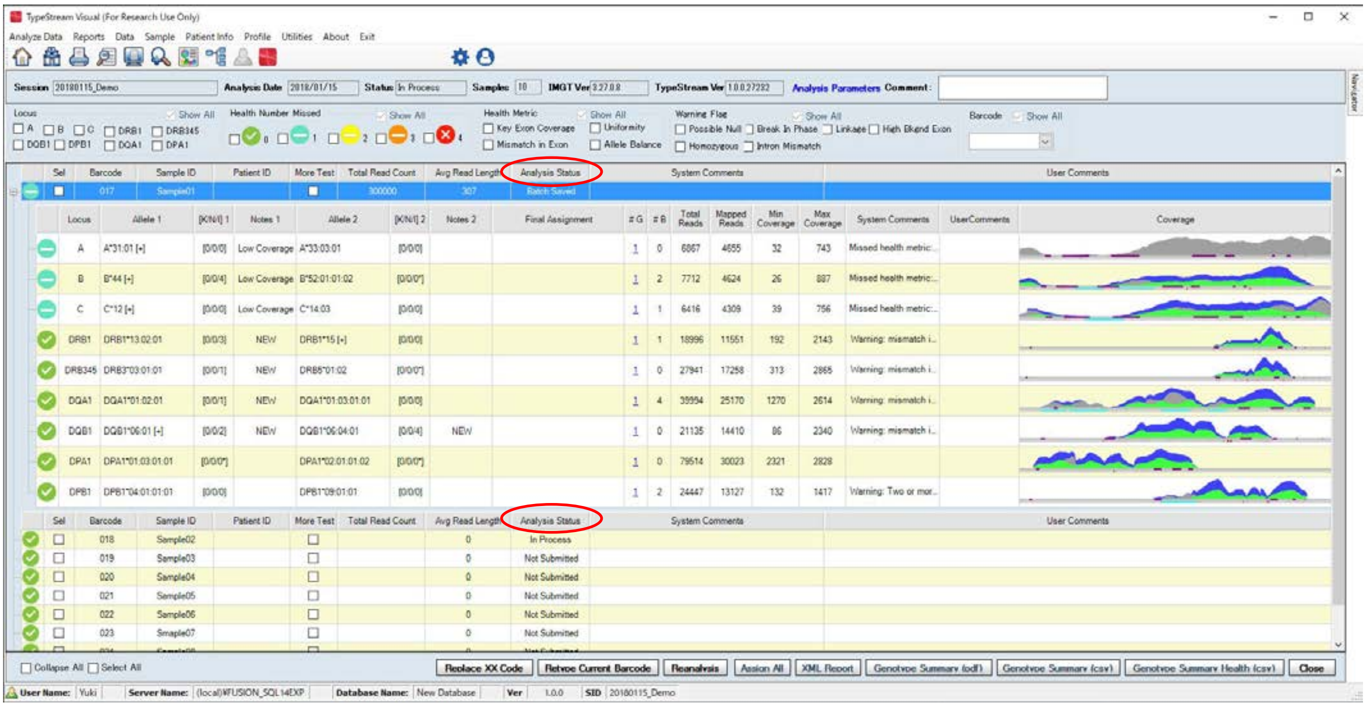
MiSeq の場合
　Samplename_S#_L###_R1_###.fastq
　Samplename_S#_L###_R2_###.fastq

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

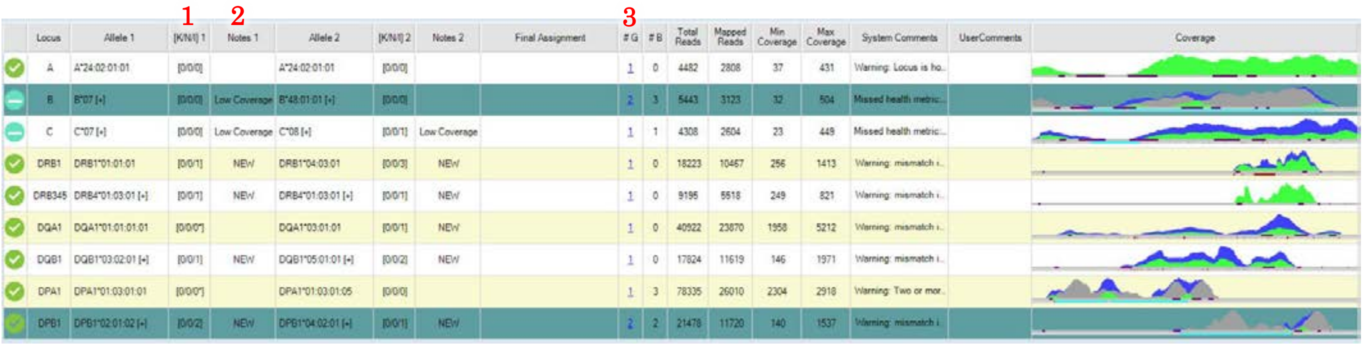


解析中の画面



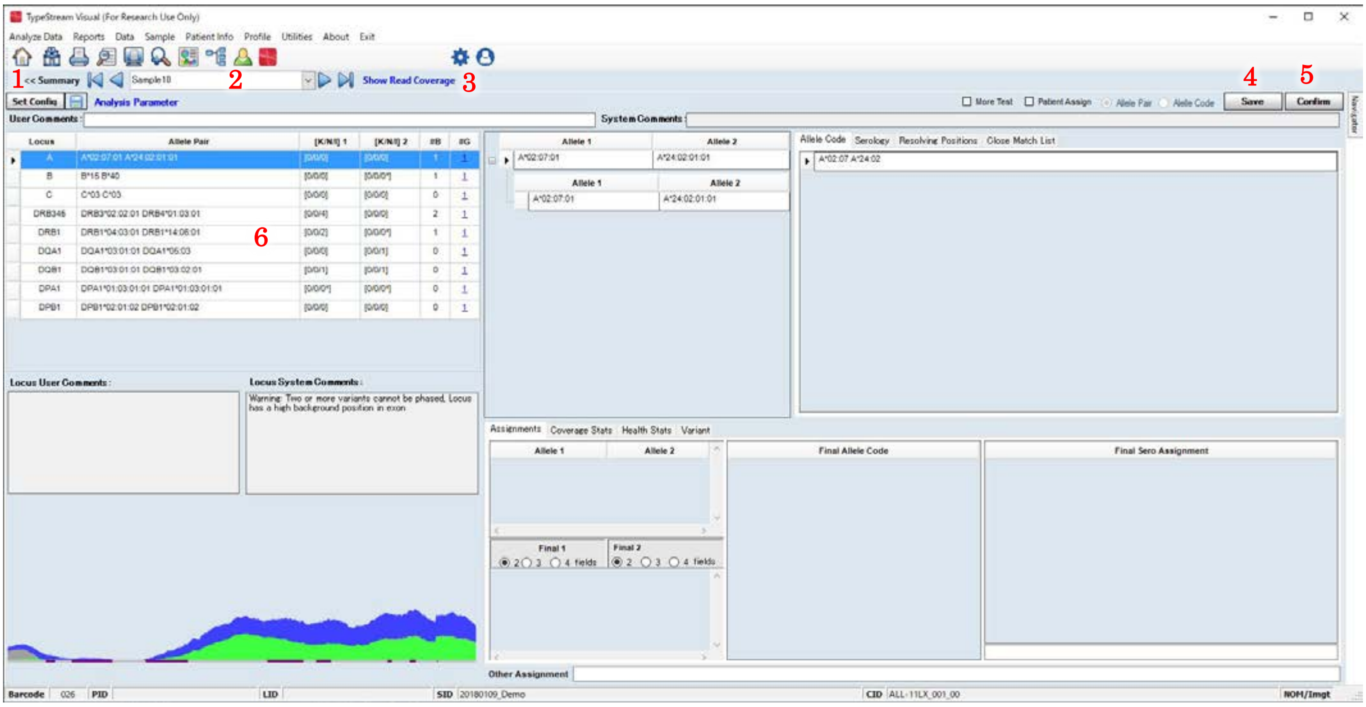
Analysis Status が「Batch Saved」になっていれば、解析終了。「In Press」は解析中。「Not Submitted」は解析待ち。

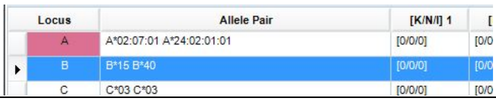
ローカス画面



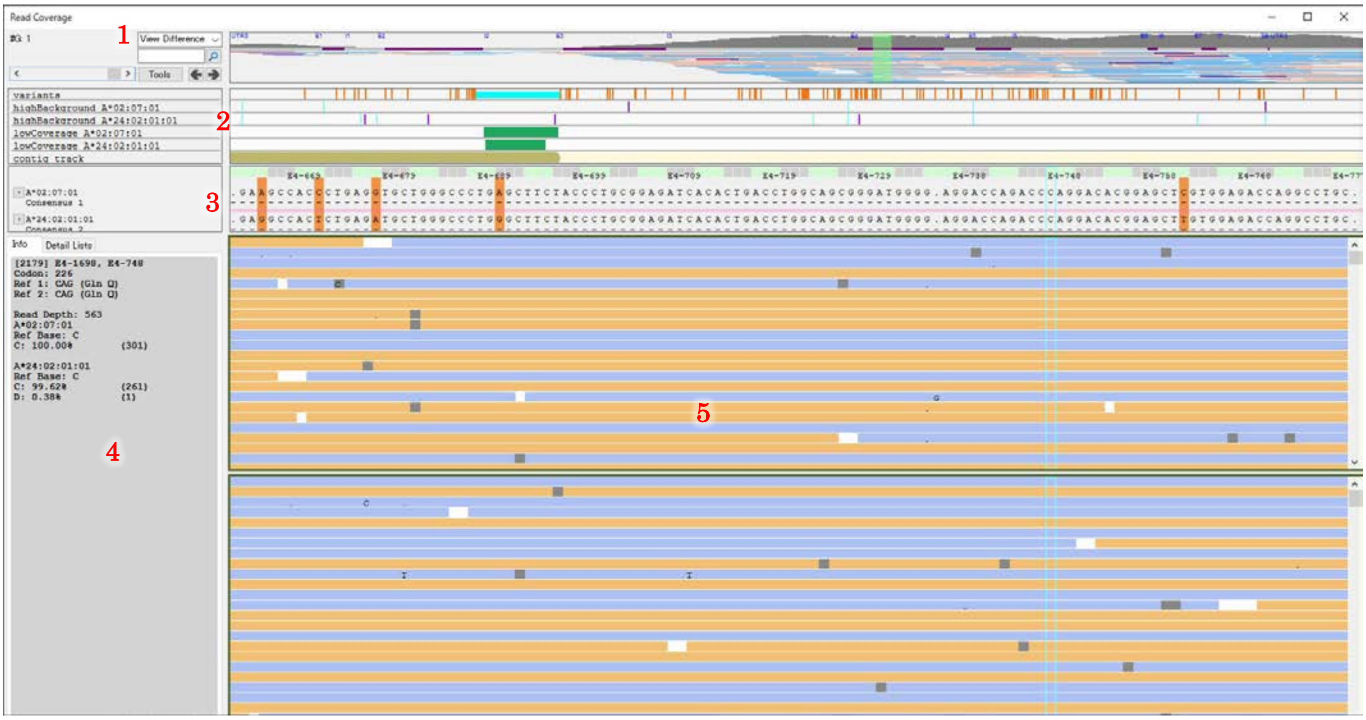
	表記	解説
1	[K/N/I]	アリルのミスマッチ個数 K:Key エクソン(ClassI はエクソン 2,3,4、ClassII はエクソン 2,3)のミスマッチ個数、N:NonKey エクソンのミスマッチ個数、I:イントロンのミスマッチ個数
2	Note	NEW, Low Coverage, NO CALL 等のコメントが入る
3	#G	アリル候補の個数 1:左の表記の組み合わせのみ、2:Cis/Trans の組み合わせがある(ローカスの背景が緑色になる)
	アリル名の上で、ダブルクリックすると、アリル画面へ移動する	

アリル画面



	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

リード画面



	解説
1	View Difference：2 つのアリル間で異なる塩基のみ表示される 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（詳細は後述）
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 の画面のカーソルを合わせた位置の詳細
5	オレンジ：Forward　Reads 青：Reverse　Reads 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

2 のアノテーションについて

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。

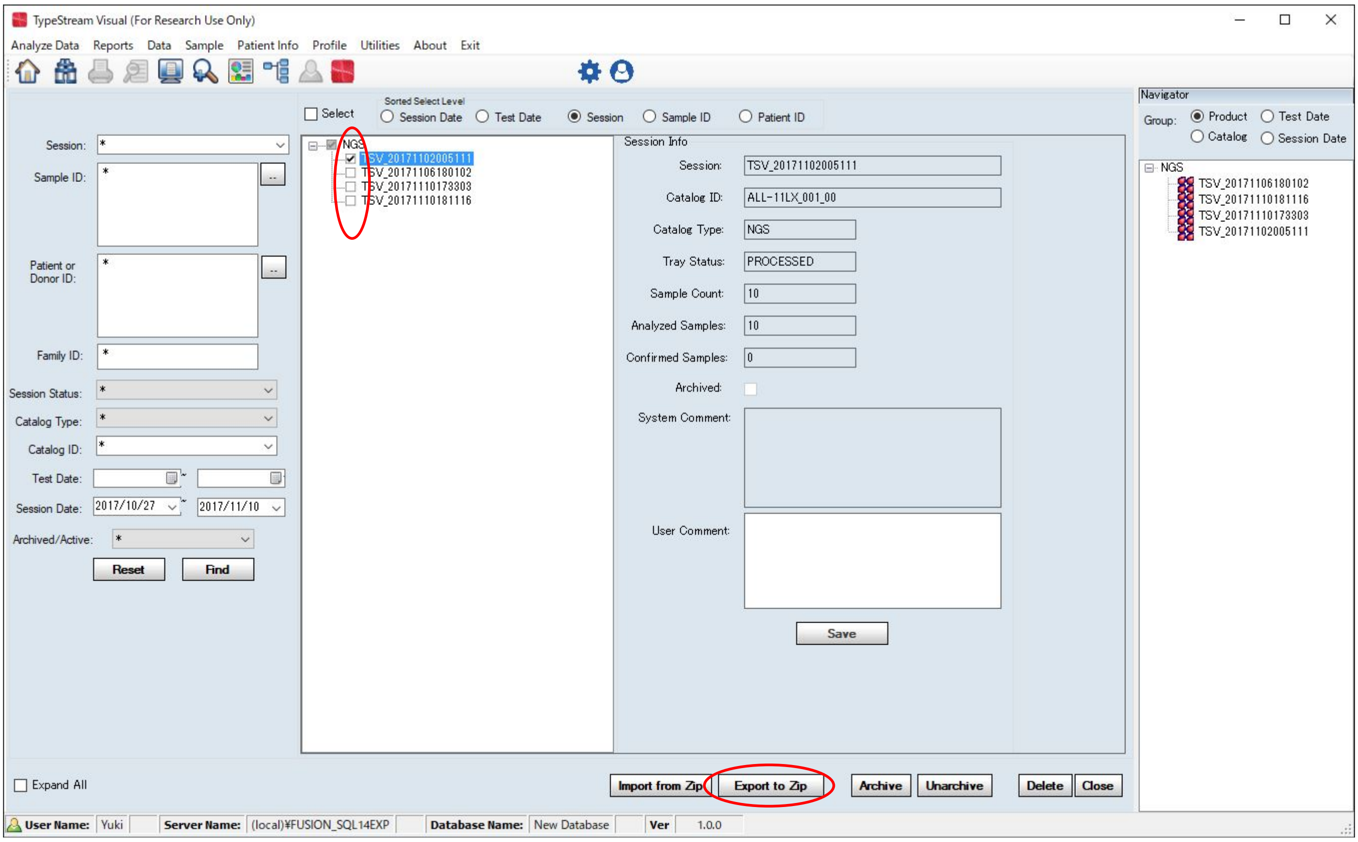
セッションの Export 方法

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



（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。