

uTYPE v7.1 簡易マニュアル

注：この説明書は、英文添付文書の簡易訳です。製品に添付されている英文マニュアルも必ずご確認ください。

1. システム要件

- ソフトウェアをインストールするドライブは最低 1GB の空き容量が必要です。
- Windows XP 及び Windows 7 で動作が確認されております。

2. シークエンスファイル

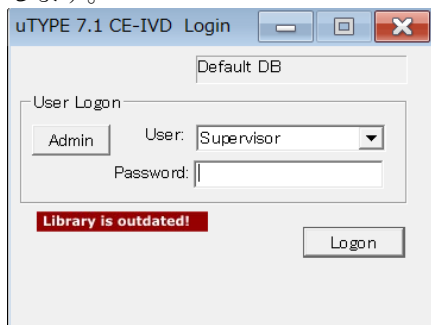
- uTYPE ではシークエンスの際に下記のルールでサンプル名を入力する必要があります。ファイル名が的確でないと uTYPE ソフトウェアでは的確に解析が行われないのでご注意ください。
- サンプル名 (Sample ID) には「スペース、/、:、*、?、”、<、>、|」は使用できません。

Kit	Locus designation	Specific naming conventions	Example
A Locus	_A_	None	SampleID_A_2F
B Locus	_B_	None	SampleID_B_2F
C Locus	_C_	None	SampleID_C_3F
DPA1	_DPA_or _DPA1_	None	SampleID_DPA_2R
DPB1 Locus	_DPB_or _DPB1_	Z38 indicates codon 85 Z39 indicates codon 8	SampleID_DPB_2R SampleID_DPB_Z38 SampleID_DPB_Z39
DQA1 Locus	_DQA_	None	SampleID_DQA_2R
DQB1 Two Amp	_DQB_or _DQB1_	None	SampleID_DQB1_2F
DRB1 Locus	_DRB1_	TG indicates codon 86.	SampleID_DRB1_2F SampleID_DRB1_TG
DRB Group	_DRB_	Use the part of the sample name in front of the loci designation to indicate specific DRB1 group. See Example for DRB1*01, DRB1*08, DRB_3, DRB_4 and DRB5.	SampleID-01_DRB1_2F SampleID-08_DRB1_2F SampleID_DRB3_2F SampleID_DRB4_2F SampleID_DRB5_2F
GSSP	[locus]_Z#_	Include locus name followed by the Z primer number	SampleID_A_Z5 SampleID_A_Z13
MICA	_MICA_	None	SampleID_MICA_2F
MICB	_MICB_	None	SampleID_MICB_2F

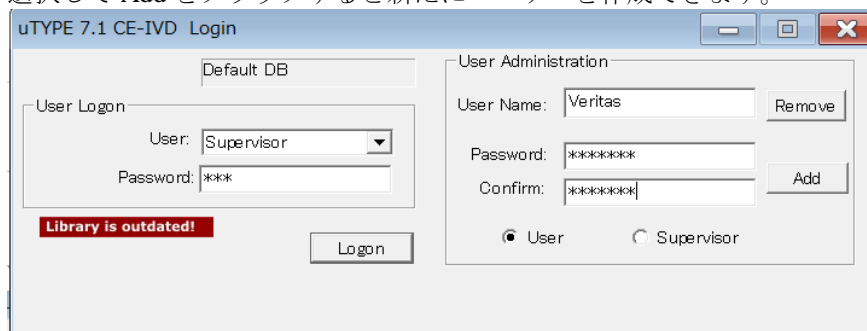
3. ソフトウェア使用方法

- ログイン

- ◇ Supervisor のパスワードは tdm。パスワードを入力して Login をクリックすると解析画面に移行します。

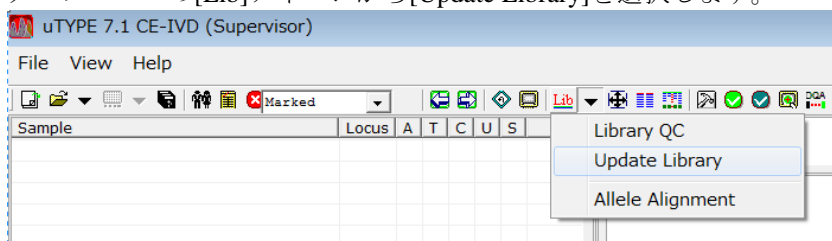


【Tips】 Supervisor のパスワードを入れると Admin をクリックできます。クリックすると新たにユーザーを作成することが可能になる画面に展開します。User 権限か、Supervisor 権限かを選択して Add をクリックすると新たにユーザーを作成できます。

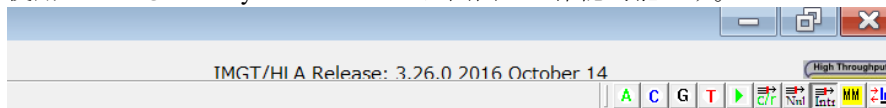


- ライブラリー (Reference) の update

- ◇ uTYPE では年に 2 回、IMGT/HLA の情報をベースにライブラリーが更新されます。
<http://www.onelambda.com/en/product/utype.html> にアクセスし、[Product Documentation] → [Nomenclature]からファイルをダウンロードしてください。
- ◇ メニューバーの[Lib]アイコンから[Update Library]を選択します。



- ◇ ダウンロードしたファイルを選択すると Update が完了します。
- ◇ 使用している Library のバージョンは画面上で確認可能です。

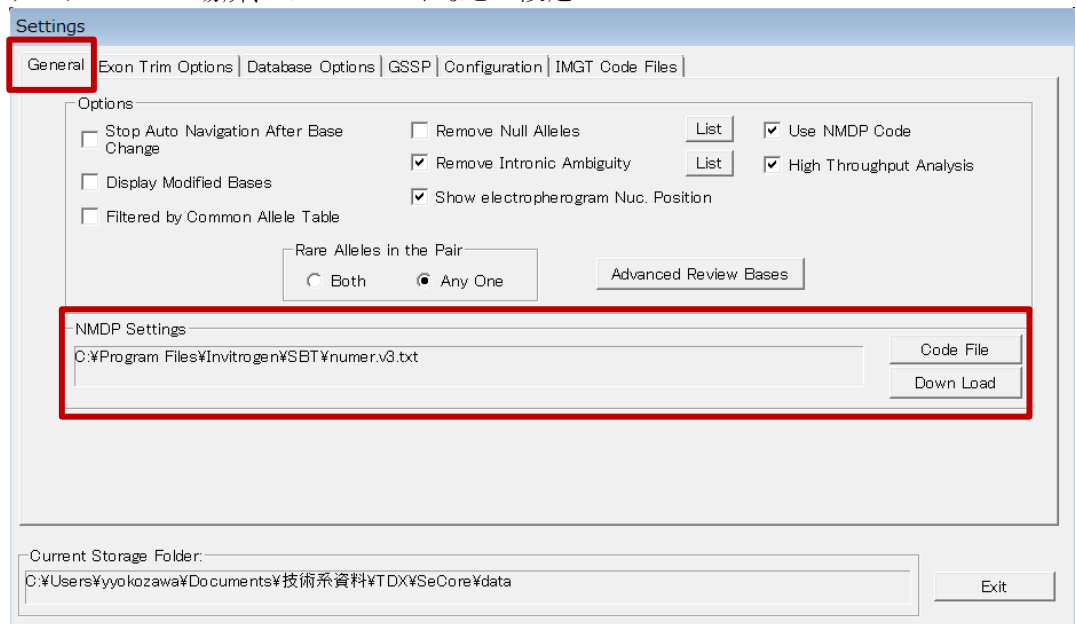


- 初期設定

- ◇ シークエンス解析範囲の領域やデータベースの場所などを設定する画面です。

- 🖱️ をクリックすると各種設定が可能です。下記以外に P コード、G コードなどの読み込みもこの設定画面で行います。

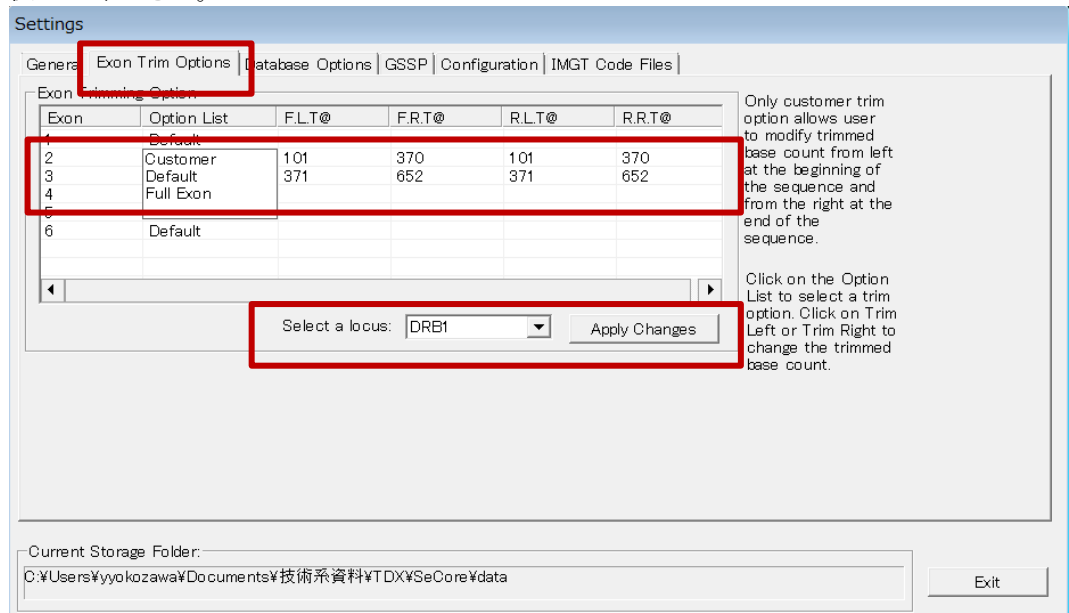
- データベースの場所、NMDP コードなどの設定



- 解析領域の設定

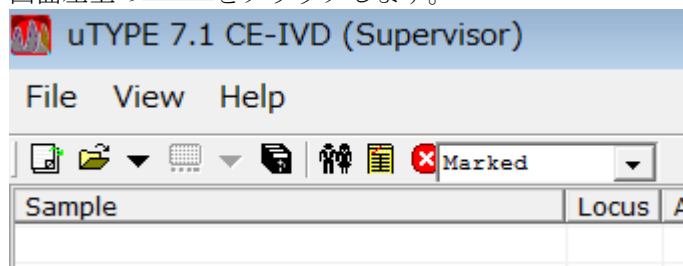
- 初期設定では DRB1 の解析領域が制限されています。

- SeCore のキットをご利用の場合には Exon Trim Option で Exon 2, 3 について Full Exon を選択してください。



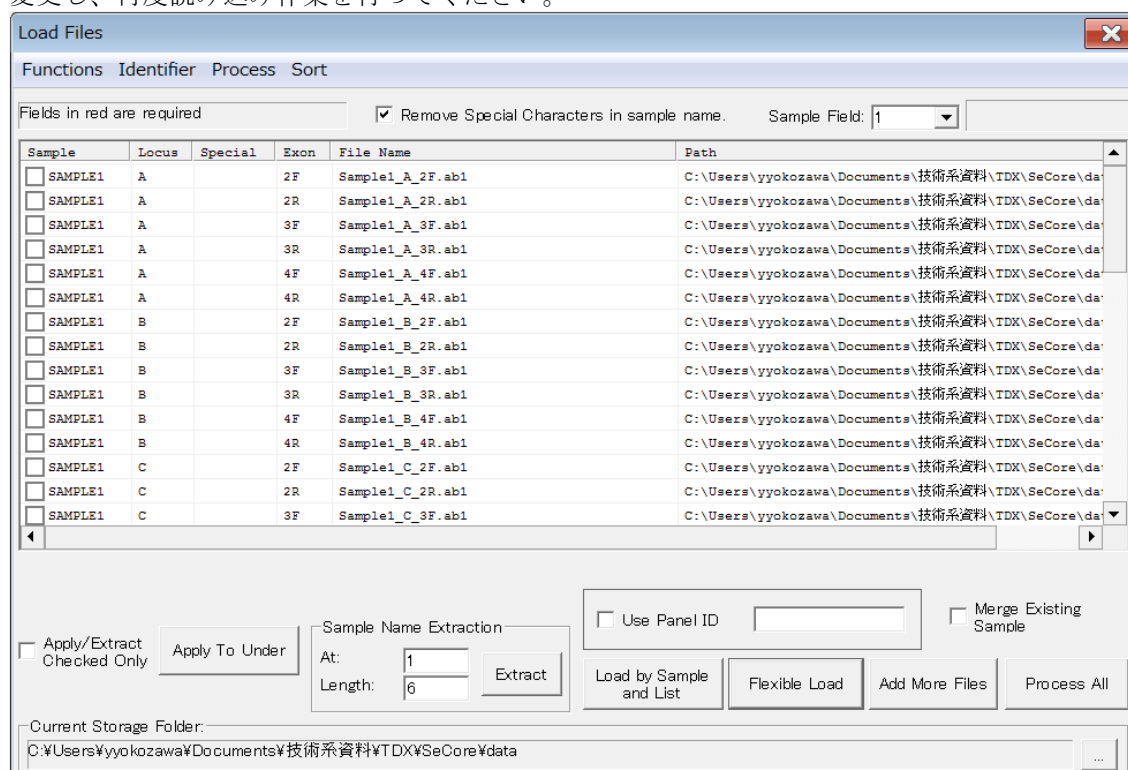
- シークエンスファイルのロード

- ◇ 画面左上の  をクリックします。



- ◇ [Flexible Load]をクリックするとファイル選択画面が現れますので、解析対象ファイルを選択し、[Load]をクリックします。

※ ファイル名にエラーがあり uTYPE ソフトウェアが判断できなかった場合には、そのエラー部分が赤で表示されます。その場合にはシークエンスファイル名を見直した上でファイル名を変更し、再度読み込み作業を行ってください。



- ◇ 解析対象ファイルがリストされるので、[Process All]をクリックすると uTYPE がファイルの読み込み及び自動解析を行います。

● 解析画面全般



◇ ナビゲーターバー

- ナビゲーターバーで、ミスマッチのポジションや Forward と Reverse の結果が異なる箇所などが模式的に表示されます。



- それぞれのカラーが意味するもの。※下記以外のカラーに関しては英文マニュアルをご確認ください。

カラー	意味
	「解析結果ウインドウ」で選択されている Allele Pair とミスマッチしている箇所
	Forward と Reverse の配列が異なる箇所
	可能性が高い Allele Pair とのミスマッチの箇所。
	マニュアルで変更した箇所。
	ソフトウェアが自動で補正変更した箇所。
	ユーザーが確認をしてチェックをした箇所。

◇ シークエンス波形ディスプレイ

- シークエンス波形ディスプレイに表示されている各ポジションでのカラーは、ナビゲーターバーで表示されるカラーと同一です。
- ディスプレイの見方

Position							101
Marker							
Reviewed							
Consensus	N	B	R	Y	R	B	N
GSSP							
Edits	-	-	-	-	-	-	-
Pattern	C	S	A	C	A	C	C
Result	-	-	-	-	-	-	-
B*08:01:06	C	G	A	C	A	C	C
B*40:01:02	C	C	A	C	A	C	C

- ①ポジション
- ②ミスマッチなどのマーカー
- ③ユーザー確認などのマーカー
- ④コンセンサスシーケンス
- ⑤GSSPのパターンシーケンス
- ⑥Editした記録
- ⑦Ab1ファイルでの結果総合パターン
- ⑧Allele 1と2をあわせたパターン配列
- ⑨Allele 1の配列
- ⑩Allele 2の配列

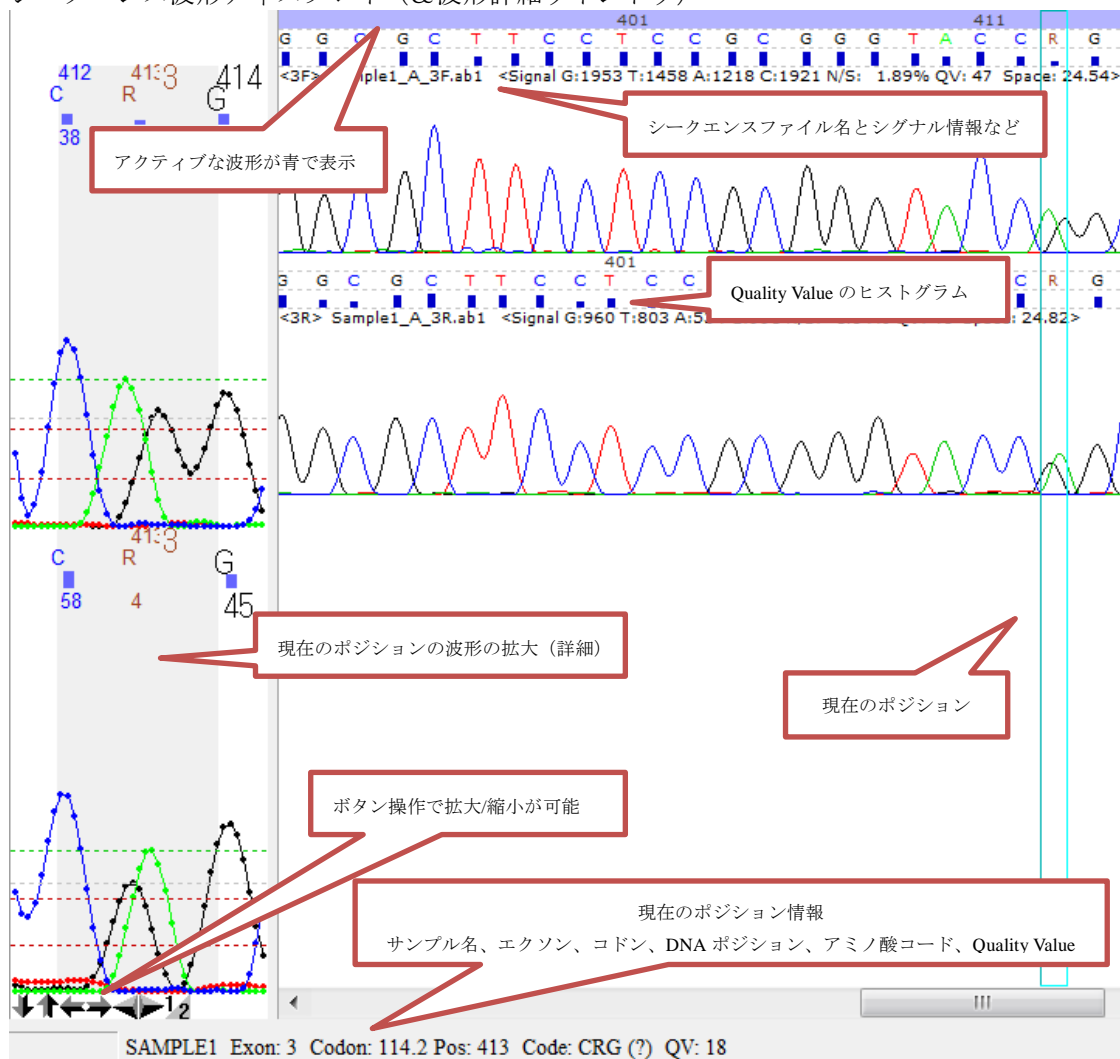
- ⑦及び⑧が異なる場合には⑧の部分がピンクで表示されます。

Edits	-	-	-
Pattern	A	G	G
Result	-	R	-
A*30:01:01	A	G	G
A*68:02:04	A	A	G

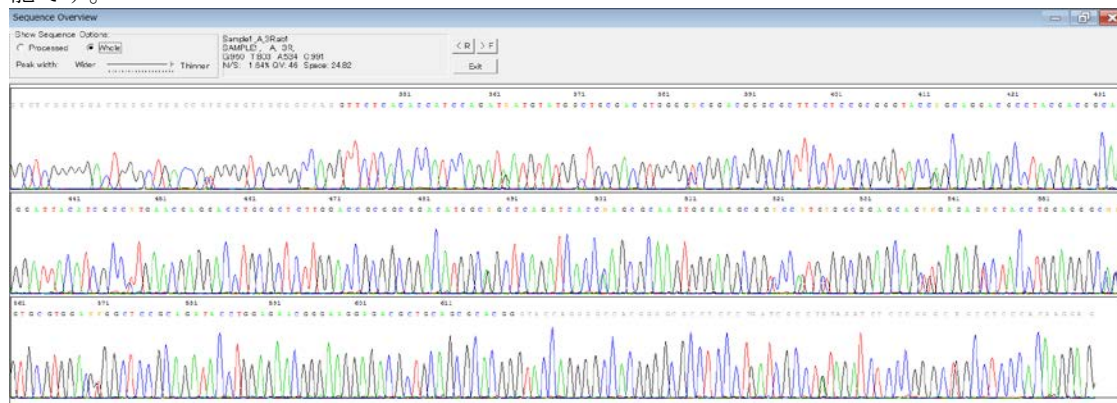
【Tips】 ポジション部分のグレーエリアをクリックすると、波形詳細のウインドウを開いたり、閉じたりすることが出来ます。

【Tips】 配列がデータベースに登録されていない場合などは Allele の配列の部分は「* (アスタリスク)」で表示されます。

☆ シークエンス波形ディスプレイ (&波形詳細ウインドウ)



【Tips】シーケンス波形ディスプレイ上で[Ctrl+D]をすると ab1 ファイル全体を見ることが可能です。



◇ 解析結果ウインドウ

➤ 解析結果ウインドウには結果のアリルリストが表示されます。解析画面で Edit を行うとそれに伴い解析結果ウインドウの状況はリアルタイムに変化します。

MM	(2000 +)	Allele	Info	Show Options
0	A*01:01:01:01	A*31:01:02:01		
0*	A*01:01:01:01	A*31:14N	-r	
		A*31:01:02:01		
		A*31:14N	-r	
		A*31:01:02:01	r-	
0*	A*01:16N	A*31:14N	rr	
0	A*01:69:01	A*31:35	rrZ	
0*	A*01:87N	A*31:01:02:01	r-	Exon 4
0*	A*01:87N	A*31:14N	rr	Exon 4
0*	A*01:123N	A*31:01:02:01	r-	
0*	A*01:123N	A*31:14N	rr	
0	A*01:126	A*31:43	rrZ	
0	A*01:143	A*31:21	rrZ	
0	A*01:145	A*31:06	r-Z	
0	A*31:05	A*36:04	r-Z	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:03	-r	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:04	-r	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:05	-r	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:06	-r	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:07	-r	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:08	-r	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:09	-r	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:10	-r	
1	A*01:01:01:01	A*31:01:11	-r	

シーケンス配列情報がデータベースにない場合にはピンクで表示

Allele 1 及び Allele 2 が共に CWD の場合には緑で表示

-r: 左が CWD, 右が CWD 外
r-: 右が CWD 外, 右が CWD
rr: どちらも CWD 外

Z 表示があるものは GSSP プライマー (別売) で解決可能。
S 表示の場合には SSP (別売) で解決可能。

- MM: ミスマッチの数。横に「*」が表示されるのは Null アリルとのペアの際で、右クリックすることでメッセージウインドウが表示され条件に応じて確認を行い、削除可能です。
- Info: 上記のとおり。「S」が表示される
- Show Options: どの部分に変異があるかを示します。また「Show Options」をクリックすると左の Allele 表示を P グループ/G グループ/4 桁表示に変更が可能です。

◇ サンプルウインドウ

- 今回読み込んだサンプルがリストされます。サンプル名の左の 田をクリックするとそのサンプルに属するシーケンスファイルが表示されます。

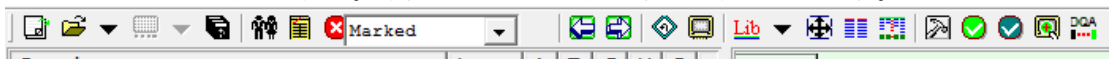
Sample	Locus	A	T	C	U	S
+	SAMPLE1	A				
+	SAMPLE1 (Z7 and Z12 and Z13)	B				
+	SAMPLE1	C				
-	SAMPLE1	DRB1				
	2F: Sample1_DRB1_2F.ab1					
	2R: Sample1_DRB1_2R.ab1					
	GTG: Sample1_DRB1_TG.ab1	GTG				
	3F: Sample1_DRB1_3F.ab1					
	3R: Sample1_DRB1_3R.ab1					
	Filter					
+	SAMPLE2 (Z6 and Z4)	A				
+	SAMPLE2 [H: B*39:06:02, B*41:0...	B				
+	SAMPLE2 (Z55)	C				
+	SAMPLE2 [M: DRB1*04:03, DRB1*...	DRB1				
+	SAMPLE3	A				
+	SAMPLE3 [H: DRB1*03:02, DRB1*...	DRB1				

- Sample: Sample 名で降順に表示
- Locus: 対象ローカス又は GSSP プライマー (Codon86, GTG など)
- A, T, C, U, S カラム

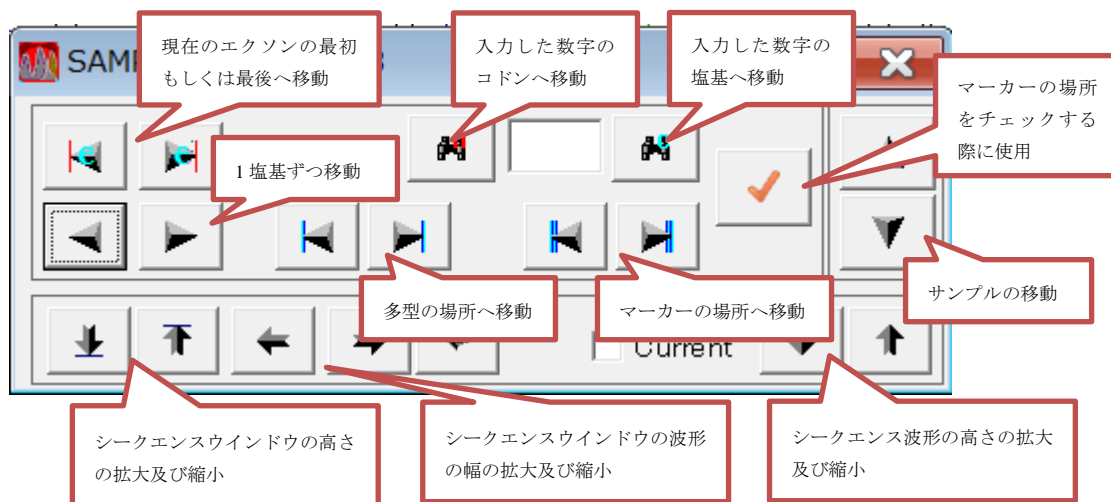
カラム	表示	内容
A		マーカータンクなく結果が表示されている場合
		マーカータンクが表示されており、ユーザーの確認が完了していない場合
		ユーザーがマニュアルで edit をしているが、マーカータンク部分の確認が完了していない場合
T		タイピングが完了し、アサインされている場合
	無印	アサインされていない場合
C		クリックでコメント入力可能。コメントが入力されていると緑で表示。
U		ユーザーの確認を終えたらクリックする事で緑の表示をつける事が出来ます。再度クリックすると緑のチェックが外れます。
S		ユーザー (U) がチェックをし、緑の表示がされている状態で、Supervisor が確認を終えたらクリックする事で青の表示をつける事が出来ます。Supervisor が青の表示にした場合には、再度その青をクリックして外す作業を行わないと、解析の変更は一切行えません。またユーザー権限ではその青のチェックを外すことはできません。


● シーケンスの確認

- ◇ ナビゲーションパネルもしくはキーボードでシーケンス配列を確認して、チェックもしくは変更をしていくことで解析を行います。
- ◇ ナビゲーションパネルの表示。下記の をクリックすると表示されます。

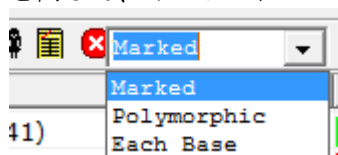


◇ ナビゲーションパネルの説明



【Tips】 キーボードで[Q]をマーカールポジションで押すと  と同じようにチェック済みのマーカールが付きます。

【Tips】 下図メニューバーの[Marked][Polymorphic][Each Base]でそれぞれが選択されている際にはナビゲーションパネルの「マーカールの場所へ移動」「多型の場所へ移動」「1塩基ずつ移動」と同じで、キーボードの→←でそれぞれの箇所へ移動します。



◇ 塩基を変更する際には、そのポジションでキーボードのアルファベットをタイプするか、画面左下のバーから選択をする事で実施します。

R-AGY-TC K-GT M-AC S-GC W-AT B-GTC D-GAT H-ACT V-GCA

◇ 全てのマーカール部分のチェックが完了するとサンプルウィンドウの表示が緑に切り替わります。

シーケンス反応で読み始めの部分が乱れていることがあり、解析の邪魔をすることがあります。その場合にはその乱れた波形部分を解析対象外にすることが可能です。対象となるシーケンス波形のポジションで右クリックすることでウインドウが開きますので、そこから[Exclude Right (もしくは Left)]を選択してください。(例：下記の場合には Reverse 側の右の波形が乱れているので、[Exclude Right]をクリックします)

The screenshot displays a sequencing software interface. At the top, a sequence viewer shows Exon 3 and Exon 4. Below this, a sequence alignment is shown with quality scores. A context menu is open over a region of the sequence, listing various options. The option 'Exclude Right (O)' is highlighted. The chromatogram below the alignment shows signal peaks for each base, with a vertical line indicating the current sequence position.

Sequence alignment details:

6 T:1913 A:2141 C:2142 N/S: 7.07% QV: 33 Space: 14.39>

33 T:2384 A:2001 C:2176 N/S: 7.68% QV: 44 Space: 14.47>

Context menu options:

- Insertion or Deletion Alleles
- Insert Base N
- Filter by Current Base
- Remove Last Base Filter
- Remove All Base Filters
- Remove Last Null Allele Filter
- Exclude Left (I)
- Exclude Right (O)**
- Reset Exclusion
- Exclude Middle Start
- Exclude Middle End
- Reset Middle Exclusion
- Set to DRB1*01 Start Position
- Reset to SeCore DRB1 Start Position
- Change Current Sequence's Exon/Direction
- Remove Current Sequence (Alt-X)
- Reset Current Sequence
- Toggle Activation of Current Sequence
- Show Sequences in Mixed Groups

● 結果のアサイン

- ◇ シークエンスの確認が完了したら解析結果ウインドウでミスマッチなどの状況を確認します。
- ◇ 解析結果ウインドウで 1 ミスマッチなどの箇所を確認するにはそのペアをクリックすることで、ミスマッチ部位が確認できます。
- ◇ 解析が完了したらサンプルウインドウで対象サンプルの[T]のカラムをクリックすると下図のウインドウが表示されます。[Type in Detail (Double click an allele pair to assign a type)]をクリックすると右の[Assigned Type]にアサインした結果が表示されます。下図の例では一つしかありませんが、結果によっては複数の行が表示されますので、アサインする場合にはその一つをダブルクリックでアサインしてください。

Sample Final Type Settings

Sample: SAMPLE1

NMDP Code Reverse Lookup

A*01:ACGEJ,A*31:05:
A*31:ACGHC,A*36:04:

Type in Detail (Double click an allele pair to assign a type)

MM	Allele 1	Allele 2
0	A*01:ACGEJ,A*31:05	A*31:ACGHC,A*36:04

Assigned Type

Allele 1: A*01:ACGEJ,A*31:05
Allele 2: A*31:ACGHC,A*36:04

X R V

List of Perfect Match (Click to view frequency info if available)

MM	Check All	Uncheck All
<input checked="" type="checkbox"/>	0 A*01:01:01:01	A*31:01:02:01
<input checked="" type="checkbox"/>	0 A*01:69:01	A*31:35
<input checked="" type="checkbox"/>	0 A*01:126	A*31:43
<input checked="" type="checkbox"/>	0 A*01:143	A*31:21
<input checked="" type="checkbox"/>	0 A*01:145	A*31:06
<input checked="" type="checkbox"/>	0 A*31:05	

Show Pair Alignment

Use 2 Fields
 Use Allele String

Show G Code
 Show P Code
 Combine Selected (NMDP)
 Type by Software (NMDP)

Assign Type & Exit


Cancel

[X]アサインしたものを削除
[R]NMDP コードを分解
[V]上のウインドウに詳細を表示

[Assigned Type]に表示がされたら、このボタンをクリックするとアサインされたことになります。アサインされるとサンプルウインドウでの[T]のカラムが緑色に表示変更されます。

P グループや G グループでの表示へ変更することも可能です。

- 結果の保存

- ◇ 解析が完了したら[File→Save All]をクリックするか、をクリックします。下図ウインドウが表示されます。

Save Sample and Case Information

Sample ID	Case ID	First Name	Middle Init.	Last Name	Panel
<input type="checkbox"/> SAMPLE1					
<input type="checkbox"/> SAMPLE2					
<input type="checkbox"/> SAMPLE3					

保存の前に Case ID, サンプルの First Name などを入力できます


CSV ファイルで Case ID を作成しておくことでそれを読み込む事も可能

[Save All & Exit]でリストされたサンプルの解析結果を保存

Panel:

C:\Users\yyokozawa\Documents\技術系資料\TDX\SeCore\data

- レポート

- ◇ 解析結果の報告書（レポート）を作成します。メニューバーのをクリックすると、下図ウインドウが開きます。適した形でのレポートが出力されます。

Report

General

Sample Count: 3 Current Locus Current Sample All Samples

QC Features

All Sample Match Export (xls)

One Line per Sample

Automated backup copy report to following specific folder: ... X

◇ 各ボタンの説明

ボタン	説明
Current Locus	参照しているローカスのみをレポート対象とする場合
Current Sample	参照しているサンプルのみをレポート対象とする場合
All Samples	全てをレポート対象とする場合
QC Features	Quality Value のまとめ等が出力可能。トラブルシューティングなどでも私用可能。
Export Detail (xml)	Xml フォーマットでの詳細レポートの出力。クリックすると xml の保存先を指定するウィンドウが現れます。
Summary report (pdf)	PDF フォーマットでのサマリーレポートが表示されます。
Detail Report (pdf)	PDF フォーマットでの詳細レポートが表示されます。
All Samples Match Export (xls)	

◇ Detail Report (pdf)

Detail Report ではユーザーが出したいデータを PDF に出力することが可能です。

上部にあるチェックボックスにて出力したい内容を選択してください。実施内容は保存されますので、次回以降は最後の設定内容と同じになります。[Save to PDF]をクリックすると PDF の保存画面に移行します。

The screenshot shows the 'Report Preview' window with a red box highlighting the configuration options at the top. Below the configuration, the report content is displayed, including 'Life Technologies' branding, 'CONFIGURATION AND SETTINGS', 'Assigned Typing Summary', a detailed 'Sample' table, and a 'Typing Result List' table.

Report Preview Configuration:

- Number of allele pairs in the report (default 25): 25
- PDF Page Break Options: No page break, Each locus
- Show Pattern Sequence, Hide Mismatches, Show G Code, Show Barcode, Hide Edits
- Show Polymorphic Position, Show Signal, Show P Code, Show Ambiguity List, Show Case Info
- View PDF File,

Assigned Typing Summary:

Locus	Sample: SAMPLE1
HLA-A	U: A*01:01/11N/69/126/143/145,A*31:05, A*31:01/06/21/35/43,A*36:04
HLA-B	U: B*08:01/04/12/13/23/62/120/165, B*40:01/07/43/80/114/199/279/328
HLA-C	


Sample Details:

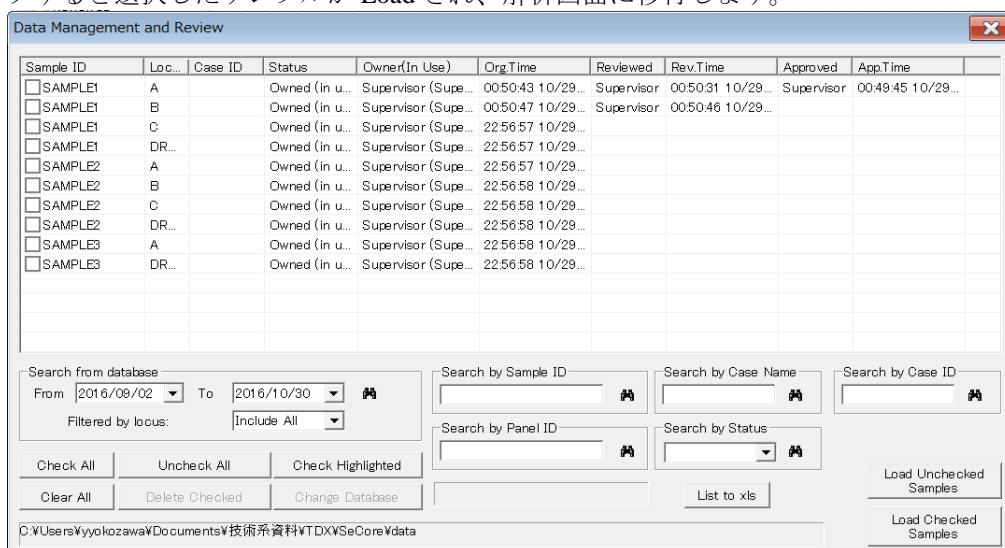
Sample	SAMPLE1	HLA-A	U: A*01:01/11N/69/126/143/145,A*31:05, A*31:01/06/21/35/43,A*36:04
Type Assigned	U: A*01:01/11N/69/126/143/145,A*31:05, A*31:01/06/21/35/43,A*36:04 by Supervisor		
Alignment	IMGT/HLA Release: 3.26.0 2016 October 14		
Status	Supervisor reviewed at 10:55:34, Jul 13, 2017. Supervisor approved at 10:55:36, Jul 13, 2017 (marked bases all reviewed)		
GSSP	Software recommends to use 'Z6 and Z41'		
Total Bases	822/822 (used for typing)		
Case ID	.		

Typing Result List:

Allele 1	Allele 2	Info	Notes
A*01:01:01:01	A*31:01:02:01	[0]	
A*01:01:01:01	A*31:01:02:04	[0]-r	
A*01:01:01:03	A*31:01:02:01	[0]r-	

- 保存した結果の再解析

- ◇ 一度保存したファイルを再度レビューもしくは解析する際には、メニューバーの  をクリックします。新たに現れたウインドウで、ファイルが保存された期間や、サンプル ID などで対象とするファイルを検索し、[Load Unchecked Samples] もしくは [Load checked Samples] をクリックすると選択したサンプルが Load され、解析画面に移行します。



株式会社ベリタス 〒105-0013 東京都港区浜松町 1-10-14 住友東新橋ビル 3 号館 5 階
 TEL 03-5776-0078 FAX 03-5776-0076
 技術的なお問い合わせは：TEL 03-5776-0040 E-mail techservice@veritastk.co.jp