

## 1. Import Data Files

ChimerMarker ソフトウェアをインストールしたら、DNA フラグメント解析を行う準備はできました。まず初めに Raw データをプログラムにアップロードしてください。以下は、ChimerMarker がサポートしているファイル形式の一覧です。

ABI - .fsa, .hid

MegaBACE - .rsd

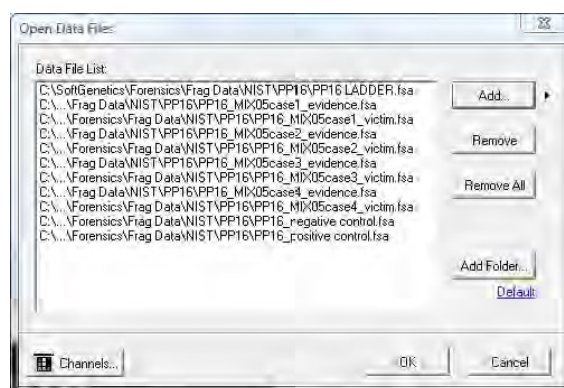
Beckman-Coulter - .esd

Spectrumedix- .smd

Generic - .scf, .sg1

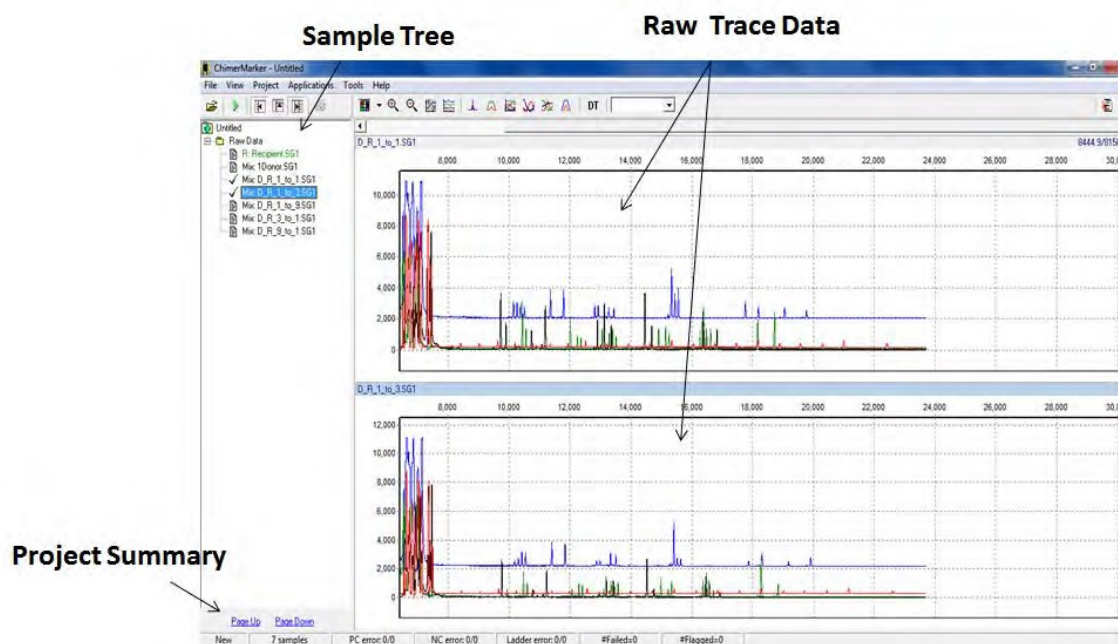
### Procedure

1. ChimerMarker を起動します。
2. Open Data アイコンをクリックします。
3. Open Data Files ボックスが開きます。
4. Add ボタンをクリックしてください。
5. Open ダイアログボックスが開きます。
6. Raw データファイルがあるディレクトリからロードするファイルを選択します。
7. 全ファイルを選択する場合は CTRL+A を、サンプルごとに選択する場合は CTRL または / もしくは SHIFT キーを押しながら選択してください。
8. Open ダイアログボックスの Open ボタンをクリックしてください。
9. 選択したファイルが Data File List フィールドに表示されます。
10. Open ダイアログボックスの OK ボタンをクリックしてください。それらのサンプルが ChimerMarker にアップロードされます。



## 2. Raw Data Analysis

Raw データをアップロードすると、Raw Data Main Analysis ウィンドウが開きます。画面左側のサンプルツリーのサンプルをダブルクリックすると、各サンプルの Raw トレースデータが開きます。また、Synthetic Gel Image には未処理データがゲル形式で表示されます。



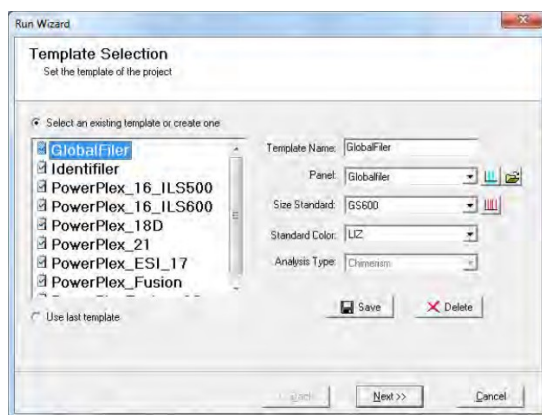
### Select Pre-transplant Sample Identifiers

ChimerMarker はドナーとレシピエントの移植前サンプルの Aallele Call を用いて、自動的に移植後サンプルのピーク起源（ドナー・レシピエントもしくは Shared Peak（ドナーとレシピエントが共通して持つアレルピーク））を検出しラベルします。File Naming System を使用した場合は、この情報は自動的に設定されます。またはサンプル名を右クリックして Sample Type を設定します。

## Select Allele and Size Call Parameters

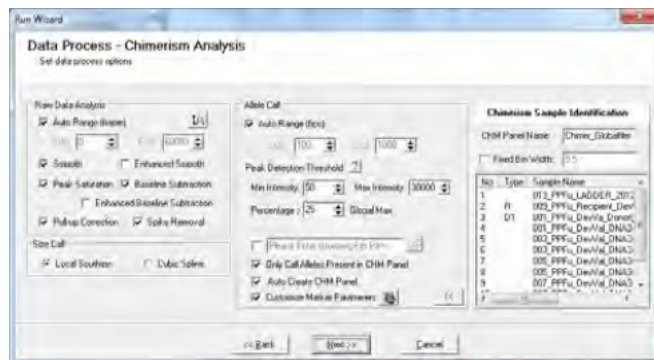
### 1. Run Wizard Template Selection:

- 多くの商用 Human Identification キット用の定義済みテンプレートから選択、もしくはカスタムパラメーターを選択して Save アイコンを使用して保存します。
- Panel: ドロップダウンメニューから選択
- Size Standard: ドロップダウンメニューから選択
- Standard Color: ドロップダウンメニューから選択

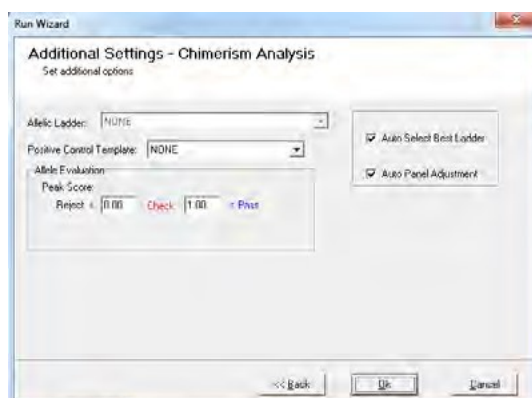


### 2. Data Processing:

- “Auto Create CHM Panel”を選択して、ChimerMarker に Chimertyping Panel を自動的に作らせ、apply します (推奨)。
- Raw data analysis、Size Call、Allele Call のデフォルト設定は、ほとんどのデータセットに推奨されています。
- "Customize Marker Parameters" を選択し、Chimertyping Panel の Marker パラメーターを設定してください。



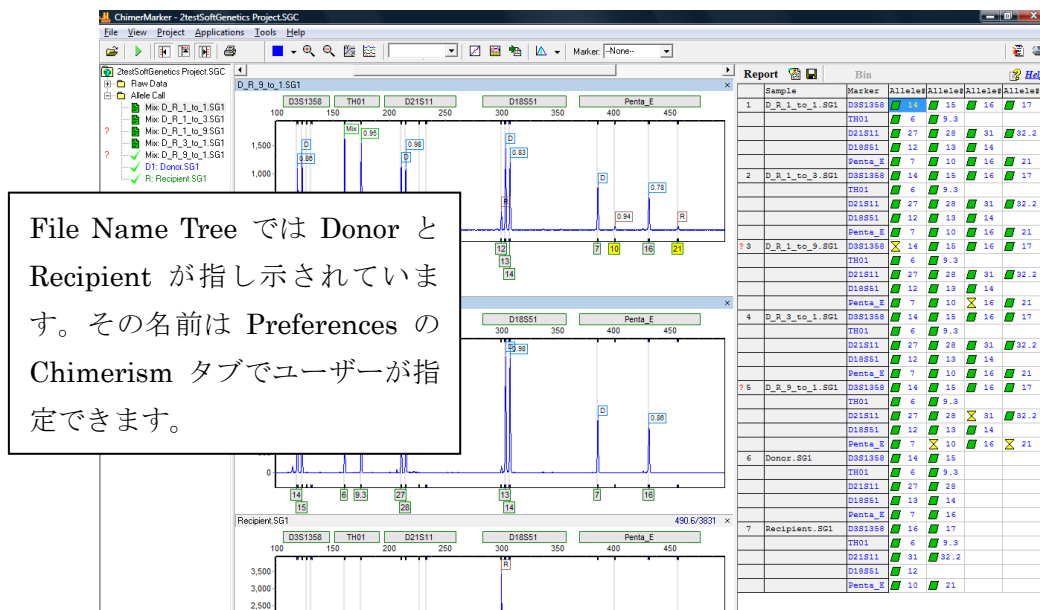
3. Allelic Ladder サンプルを商用キットで増幅したサンプルと一緒に使用している場合、Auto Select Best Ladder と Auto Panel Adjustment を選択してください。Allelic Ladder サンプルを使用していない場合はこれらのオプションは選択しないでください。



## If Pre-transplant CE data files are not available, Import Donor and Recipient Genotypes as a Text File:

レシピエントとドナーのサンプルファイル (.fsa, .hid, etc.) が利用できない場合、タブ区切りテキストファイルでジェノタイプをアップロードすることができます。

## Review Main Analysis Screen Results



以下のリンクより英文 User Manual 全文をダウンロードできます。

<https://www.bio-upload.com/usermanual>

日本語資料をご希望の方は、以下リンクのお問い合わせフォームよりその旨お申し込みください。

<https://www.bio-upload.com/support>

競合他社および関係者からの情報収集を目的としたお申込みの場合、弊社の判断によりお断りすることがございます。予めご了承ください。