Instructions for Use:

GeneMapper® & GeneMarker® software

دفترچه راهنمای استفاده از:

نرم افزارهای GeneMapper® و GeneMarker®

شرکت زیست فناوری کوثر

KBC
Kawsar Biotech Company

فهرست

۱. آنالیز داده ها ۳

۱,۱. راهنمای تنظیمات نرم افزار GeneMapper® ۳

۱,۱,۱. پیش از شروع آنالیز نمونه ها ۳

۱,۱,۱,۱. وارد کردن Panel ۳

۲,۱,۱,۱. وارد کردن Bin Set ۶

۲,۱,۱,۲. تعریف Analysis Method ۷

۲,۱,۲. نحوه شروع آنالیز با نرم افزار ۱۲

۲,۲. راهنمای تنظیمات نرم افزار GeneMarker® ۲۰

۲,۲,۱. پیش از شروع آنالیز نمونه ها ۲۰

۲,۲,۱,۱. وارد کردن Panel ۲۰

۲,۲,۱,۲. وارد کردن Size Standard ۲۲

۲,۲,۲. نحوه شروع آنالیز با نرم افزار ۲۴

۲,۲,۳. Adjust کردن پنل با Allelic Ladder ۲۹

۱. آنالیز داده ها

کیت ها را می توان با نرم افزارهای زیر آنالیز کرد:

- نرم افزار Fragment Analysis شرکت Applied Biosystems متناسب با دستگاه های Genetic Analyzer
- نرم افزارهای GeneScan® Analysis، Genotype Analysis، GeneMapper® و GeneMarker®

روش آنالیز نمونه ها بستگی به روش کار هر نرم افزار دارد. به همین منظور نحوه استفاده از دو نرم افزار معتبر آنالیز داده ها که توسط بسیاری از کاربران مورد استفاده قرار می گیرد، در ادامه توضیح داده شده است.

در صورتی که از نرم افزار GeneMarker استفاده می نمایید، ترجیحاً ورژن 1.95 را دانلود کنید که نسخه Demo نباشد.

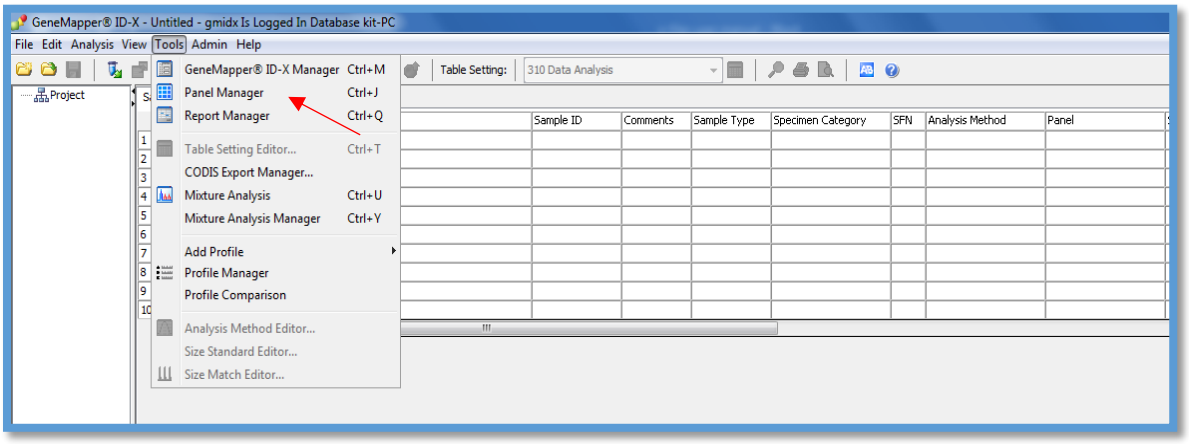
۱,۱. راهنمای تنظیمات نرم افزار GeneMapper®

۱,۱,۱. پیش از شروع آنالیز نمونه ها

۱,۱,۱,۱. وارد کردن Panel

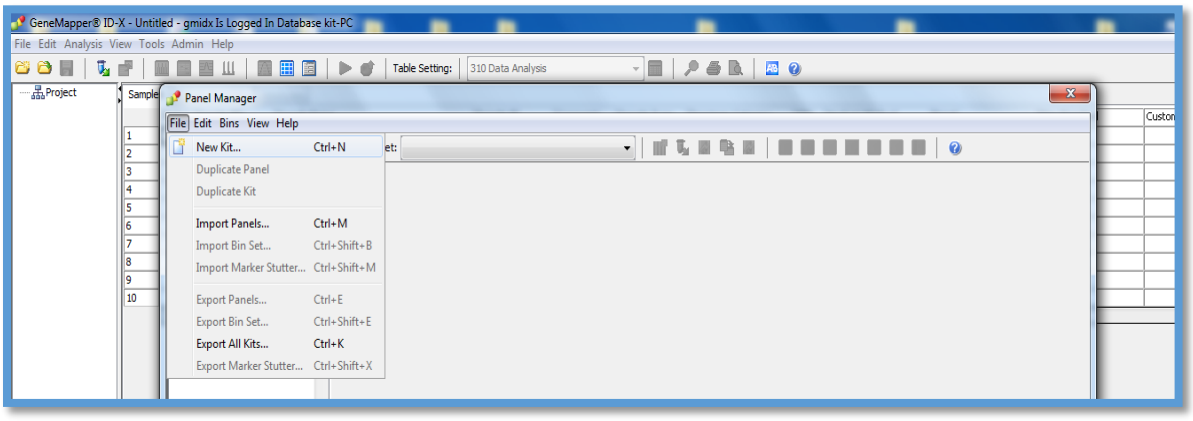
این مورد برای تمامی کیت ها کاربرد دارد. با دانلود کردن پنل مخصوص هر کیت از سایت زیست فناوری کوثر می توانید آن را در نرم افزار Import نمایید. برای Import کردن پنل مراحل زیر را انجام دهید:

۱) ابتدا نرم افزار را باز نمایید. سپس گزینه "Tools " را از قسمت بالای نرم افزار انتخاب نموده و پس از باز شدن لیست کشویی گزینه "Panel Manager" را انتخاب کنید.



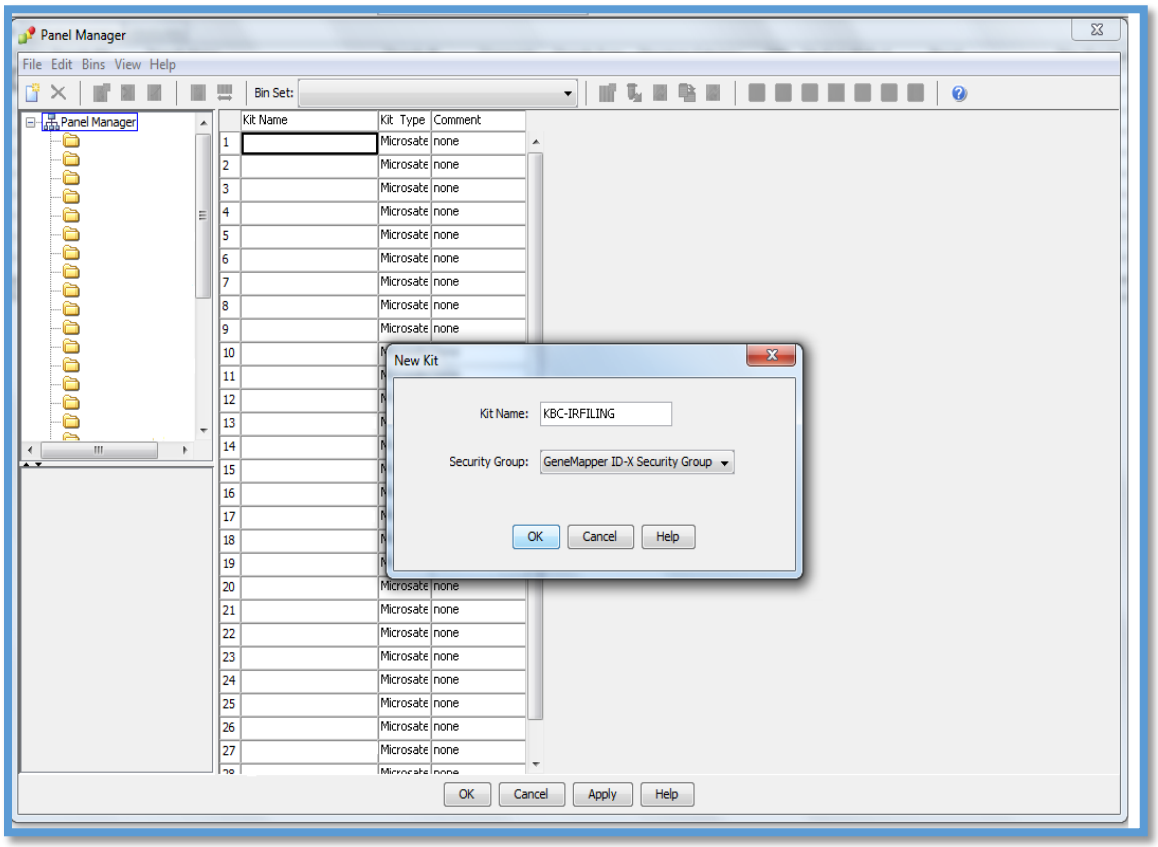
شکل شماره ۱: نمایش Panel Manager

۲) در پنجره باز شده "Panel Manager" گزینه "File" و سپس "New Kit" را انتخاب کرده تا برای کیت جدید خود Folder ای را تعریف نمایید.



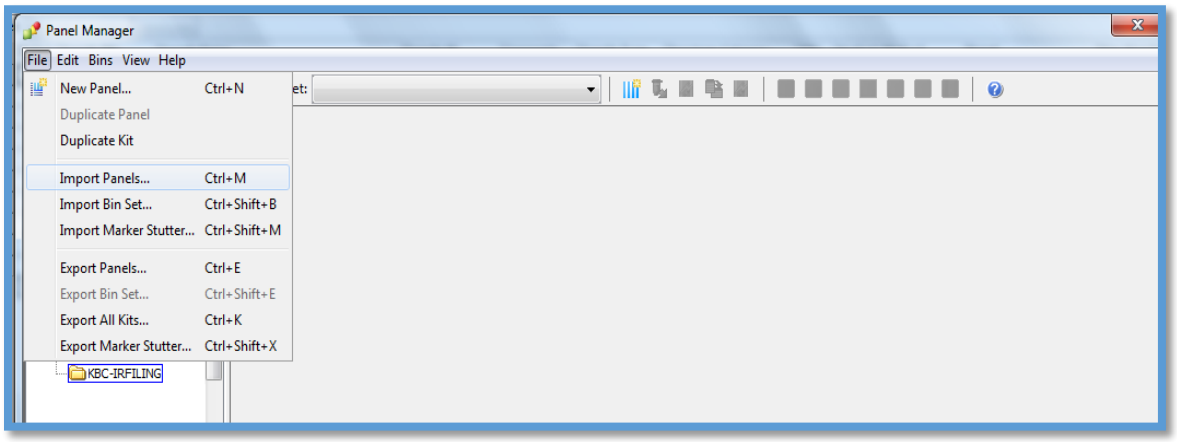
شکل شماره ۲: نمایش پنجره Panel Manager

۳) در گزینه "New Kit" نام کیت خود را وارد کرده و سپس روی گزینه OK کلیک نمایید.



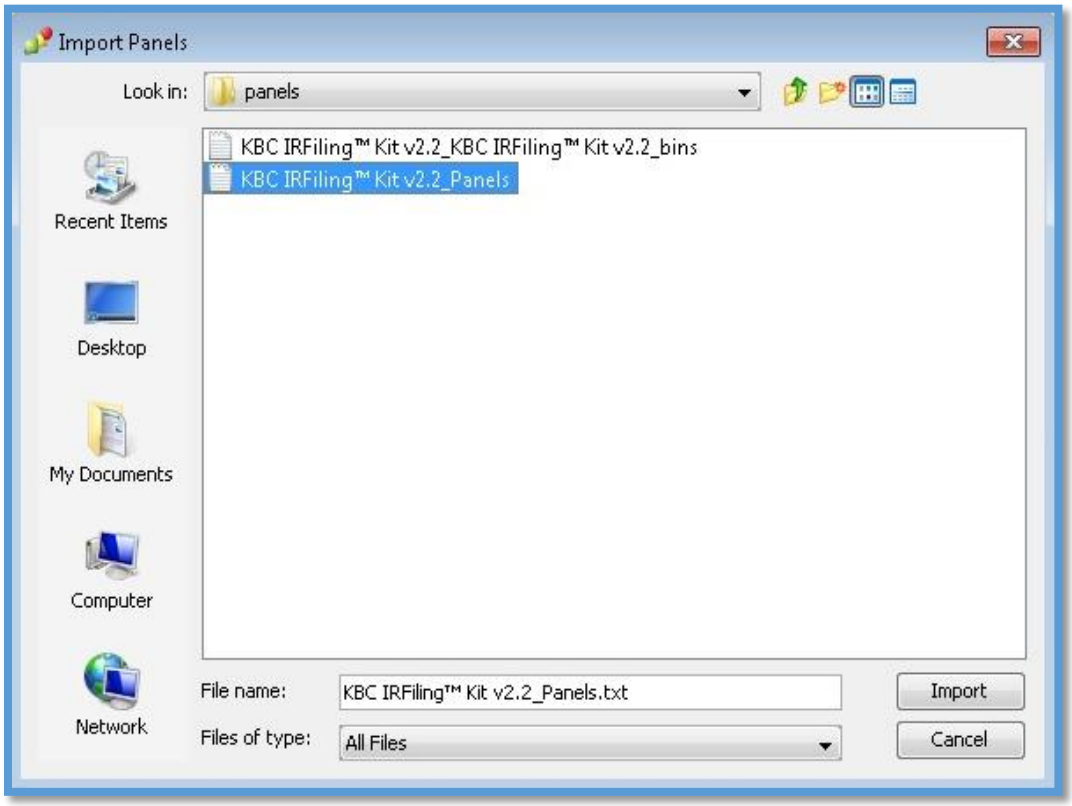
شکل شماره ۳: نمایش پنجره New Kit

۴) در این مرحله پس از تعریف شدن فولدر برای کیت مورد نظر، مجددا روی گزینه "File" در قسمت "Panel Manager" کلیک کرده و گزینه "Import Panels" را انتخاب نمایید.



شکل شماره ۴: نمایش Import Panels

۵) پس از باز شدن پنجره "Import Panels"، پنلی را که قبلا از سایت شرکت زیست فناوری کوثر دانلود نموده را باز کرده و آن را Import نمایید.

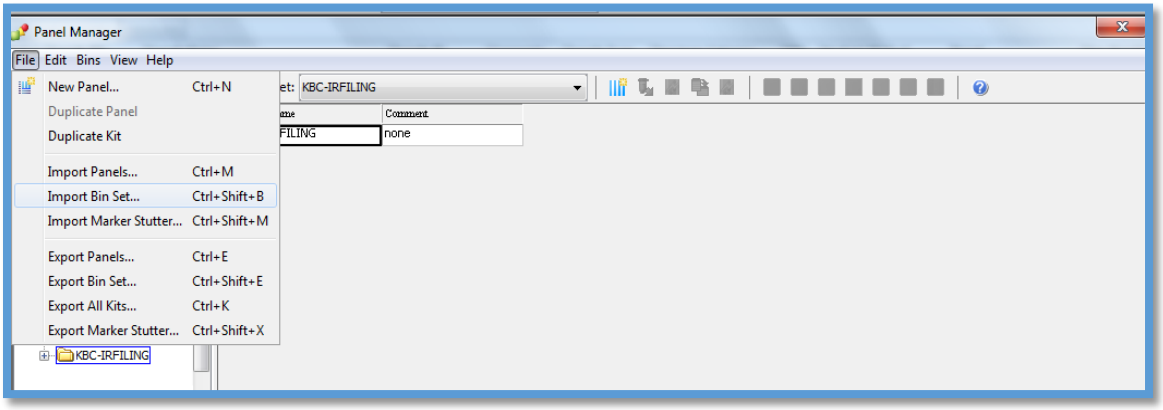


شکل شماره ۵: نمایش پنجره Import Panels

۲،۱،۱،۱. وارد کردن Bin Set

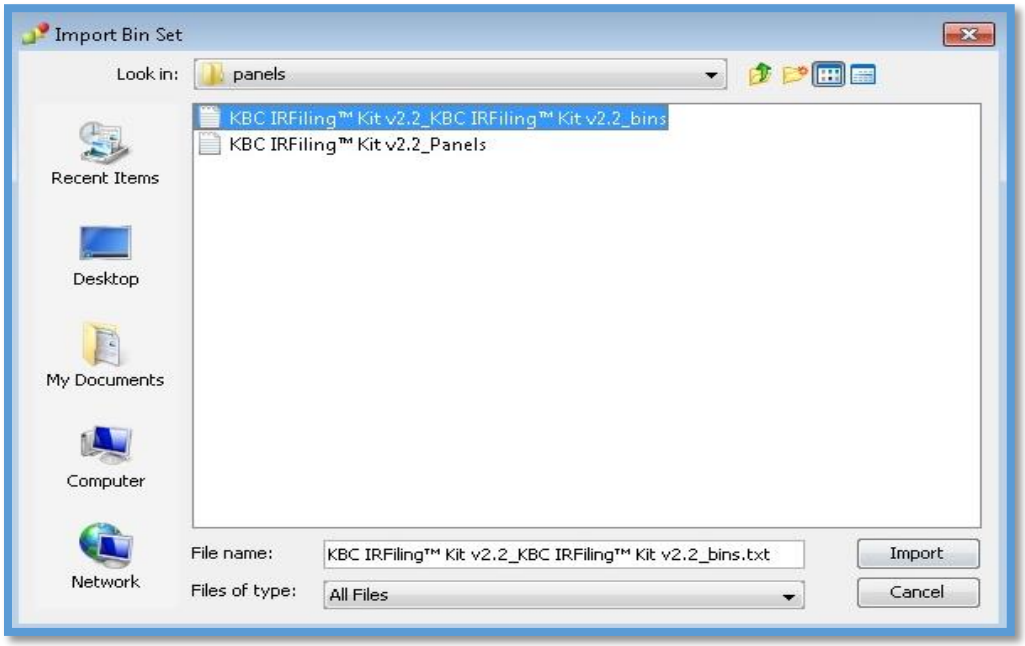
❖ این تنظیمات جزء مراحل اختصاصی آنالیز کیت های تعیین هویت است.

۱) وارد کردن Bin Set هم مانند پنل از قسمت "Panel Manager" انجام می گیرد. بنابراین پس از باز کردن این پنجره به قسمت "File" رفته و روی گزینه "Import Bin Set" کلیک نمایید.



شکل شماره ۶: نمایش Import Bin Set

۲) پس از باز شدن پنجره "Import Bin Set"، Bin Set که قبلا از سایت شرکت زیست فناوری کوثر دانلود نموده را باز کرده و آن را Import نمایید.



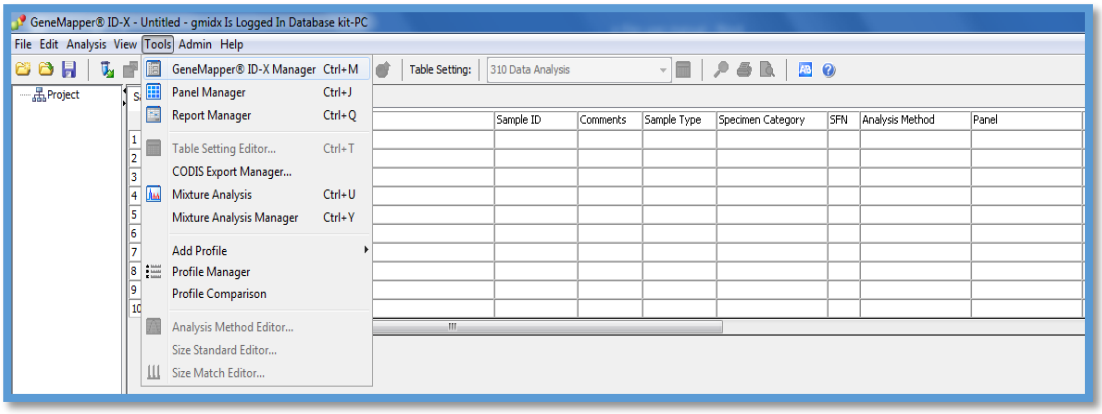
شکل شماره ۷: نمایش پنجره Import Bin Set

نهایتاً پس از وارد نمودن Panel و Bin Set روی گزینه OK کلیک نموده تا تغییرات اعمال شده در نرم افزار ذخیره گردد.

۲,۱,۱,۲. تعریف Analysis Method

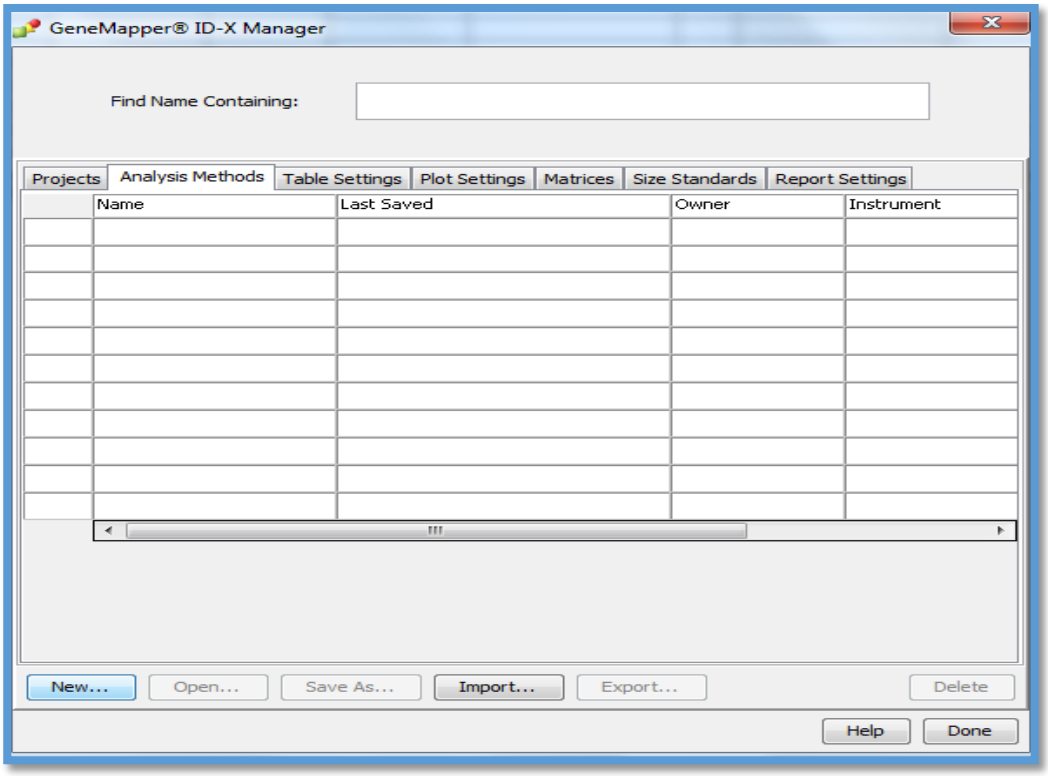
❖ نکته: این تنظیمات جزء مراحل اختصاصی آنالیز کیت های تعیین هویت است.

۱) ابتدا در نرم افزار گزینه "GeneMapper Manager" مربوط به ورژن نرم افزار خود را انتخاب نمایید.



شکل شماره ۸: نمایش GeneMapper Manager

۲) پس از باز شدن پنجره مورد نظر قسمت "Analysis Method" را انتخاب نموده و روی گزینه "New" کلیک نمایید.



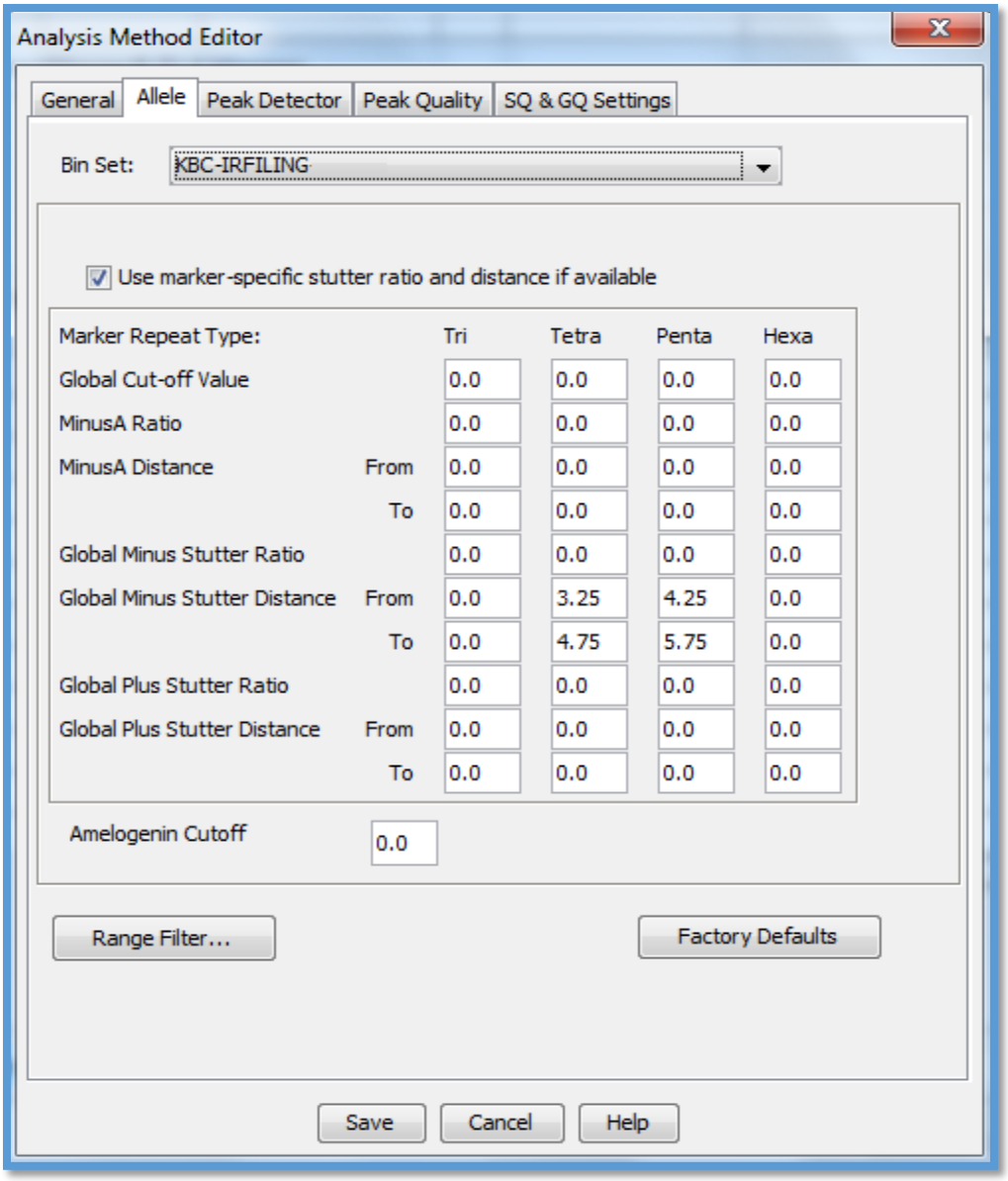
شکل شماره ۹: نمایش پنجره GeneMapper Manager

۳) در پنجره "Analysis Method Editor"، گزینه "Allele" را انتخاب کرده و تغییرات زیر را اعمال نمایید:

✓ ابتدا فایل Bin Set مورد نظر را که در مراحل قبل Import نموده اید، در قسمت "Bin Set" جستجو و انتخاب (به طور مثال کیت KBC IRFiling) نمایید.

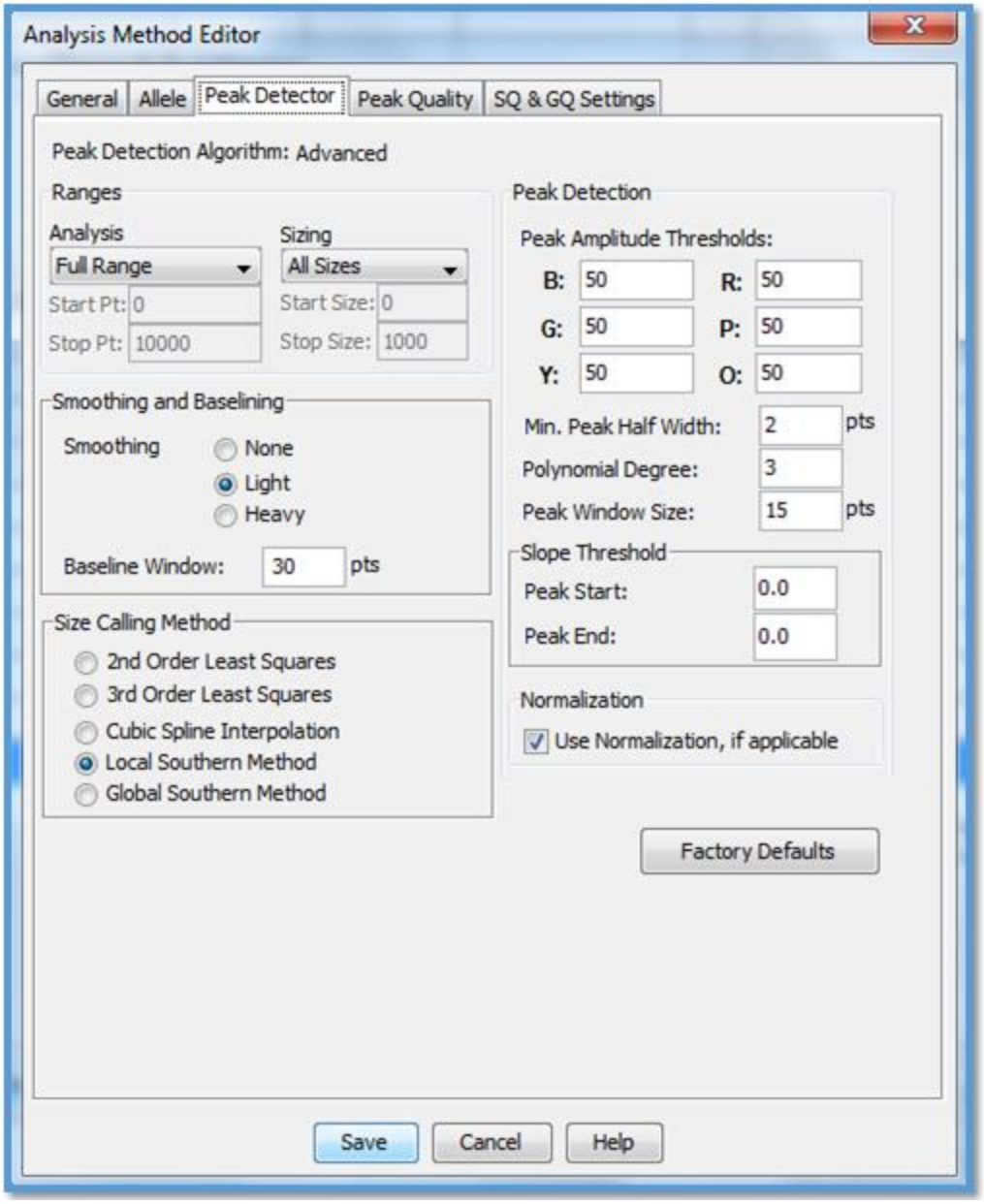
✓ اطمینان حاصل نمایید گزینه "Use marker-specific stutter ratio and distance if available" انتخاب شده باشد.

✓ توصیه ما این است که مطابق شکل زیر اعداد وارد و تنظیم شوند. اگرچه ممکن است شما به بهینه سازی بیشتری در آزمایشگاه خود نیاز داشته باشید.



شکل شماره ۱۰: نمایش قسمت Allele پنجره Analysis Method Editor

۴) سپس در مرحله بعد در پنجره "Analysis Method Editor"، گزینه "Peak Detector" را انتخاب نمایید.



شکل شماره ۱۱: نمایش قسمت Peak Detector پنجره Analysis Method Editor

همانطور که مشاهده می نمایید این قسمت دارای پارامترهایی است که بهتر است همانند جدول زیر تکمیل گردند:

جدول شماره ۱: نمایش پارامترهای Peak Detector

پارامتر	توضیحات
Peak Detection Algorithm	گزینه Advanced را انتخاب نمایید.
Ranges	در این قسمت می توانید گزینه Full Range برای Analysis و All Sizes برای Sizing با رنج مشخص 0 تا 10000 را انتخاب نمایید (که معمولا به این صورت مشخص می شود). یا اینکه با انتخاب partial رنج را تعریف نمایید.
Smoothing and Baselining	در این قسمت برای Smoothing گزینه Light و برایBaseline Window گزینه 51 pts را انتخاب نمایید.
Size Calling Method	در این قسمت گزینه Local Southern Method را انتخاب نمایید.
Peak Detection	در این قسمت تمامی موارد B، G، Y، R و O را 50 در نظر گرفته و موارد Minimum Peak Half Width، Polynomial Degree و Peak Window Size را به ترتیب 2، 3 و 15 وارد نمایید.

۵) در پنجره "Analysis Method Editor"، گزینه "Peak Quality" را انتخاب نمایید. ممکن است نیاز باشد که تنظیمات مربوط به کیفیت پیک را تغییر دهید.

❖ برای اطلاعات بیشتر در مورد گزینه های "Peak Quality" و "SQ & GQ Settings" بهتر است که از روش کار با نرم افزار GeneMapper® ID-X استفاده نمایید.

۶) در نهایت پس از انتخاب نام مناسب، روی گزینه OK کلیک نمایید تا تغییرات لازم ذخیره گردد.

❖ لازم به ذکر است که "Peak Amplitude Threshold" باید توسط آزمایشگاهی که از کیت استفاده می نماید با توجه به شرایط تعیین گردد. تنها این نکته را در نظر داشته باشید که ارتفاع کوتاهترین پیک باید سه برابر ارتفاع پیک نویز باشد.

❖ برای آنالیز نتایج Panels، Bin Set، Size Standard، Analysis method و Plot settings مورد نیاز است.

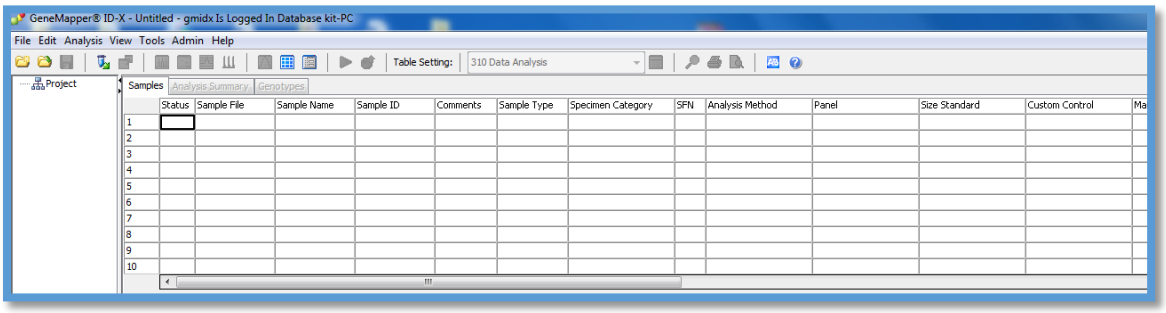
۷) با انتخاب گزینه "Done" از نرم افزار خارج خواهید شد.

۲،۱،۲. نحوه شروع آنالیز با نرم افزار

جهت شروع آنالیز نتایج و کار با نرم افزار GeneMapper، مراحل زیر را انجام دهید:

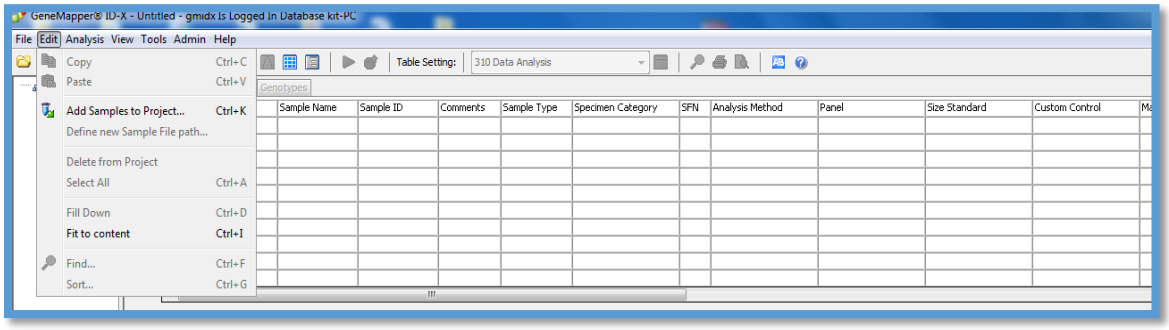
۱) نرم افزار GeneMapper را باز کنید.

۲) گزینه "New Project" را انتخاب نمایید.



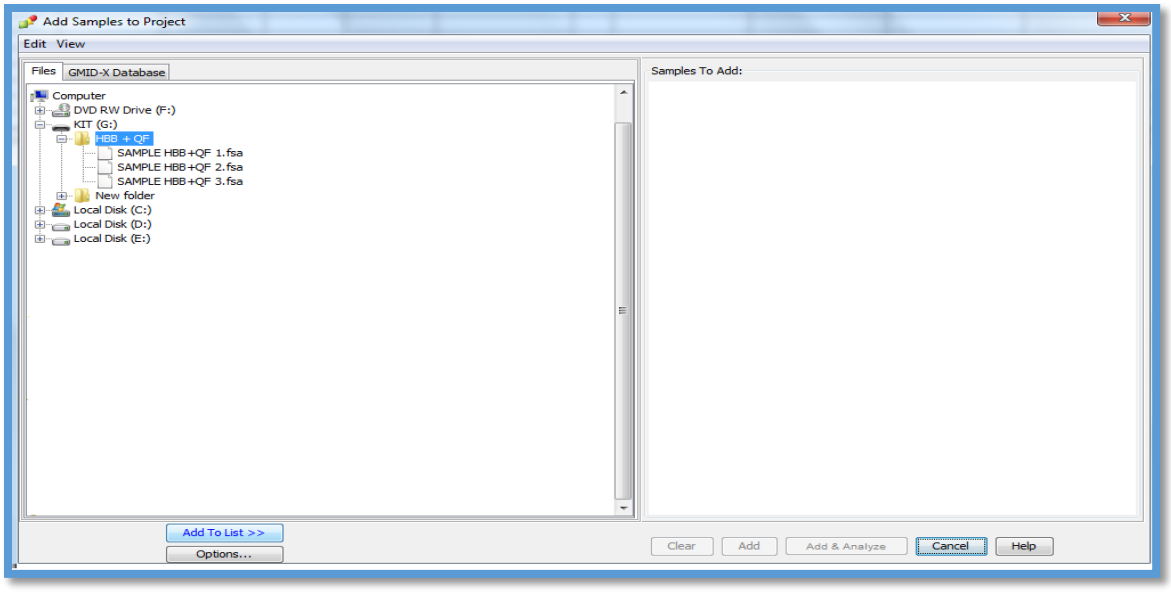
شکل شماره ۱۲: نمایش پنجره New Project

۳) گزینه "Add Sample to Project" انتخاب نمایید.



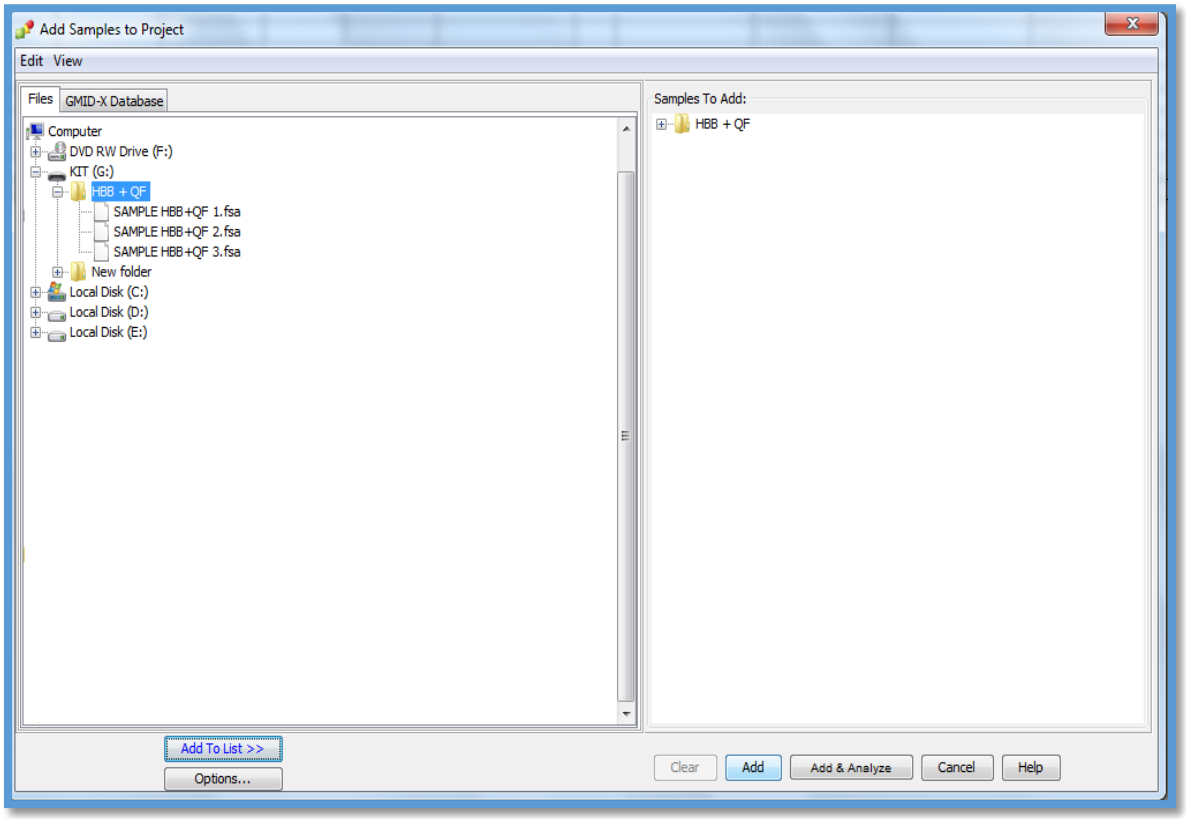
شکل شماره ۱۳: نمایش Add Sample to Project

۴) از فایل مورد نظر data (به طور مثال فایل مربوط به نتایج کیت HBB) خود را انتخاب کرده و روی گزینه Add To List کلیک نموده تا فایل را در سمت راست صفحه مشاهده نمایید.



شکل شماره ۱۴: نمایش پنجره Add Sample to Project

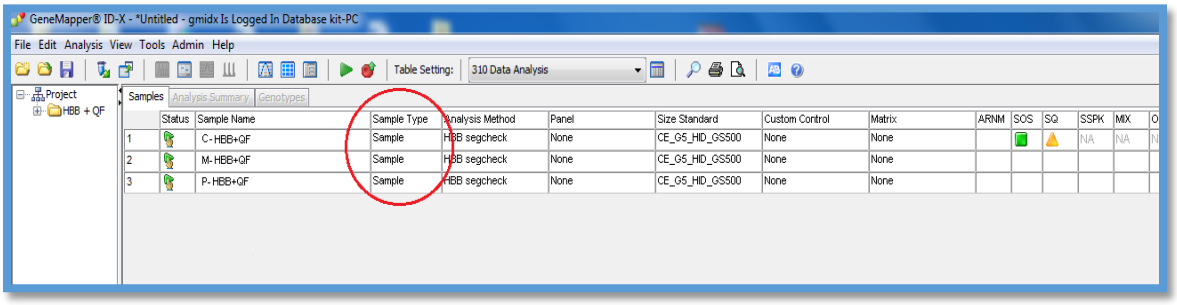
۵) پس از مشاهده نمونه در سمت راست صفحه، گزینه "Add" را بزنید تا فایل های مورد نظر باز شوند.



شکل شماره ۱۵: نمایش قسمت دوم پنجره Add Sample to Project

۶) در پنجره باز شده همانطور که مشاهده می نمایید پارامترهایی موجود است که باید تکمیل گردد.

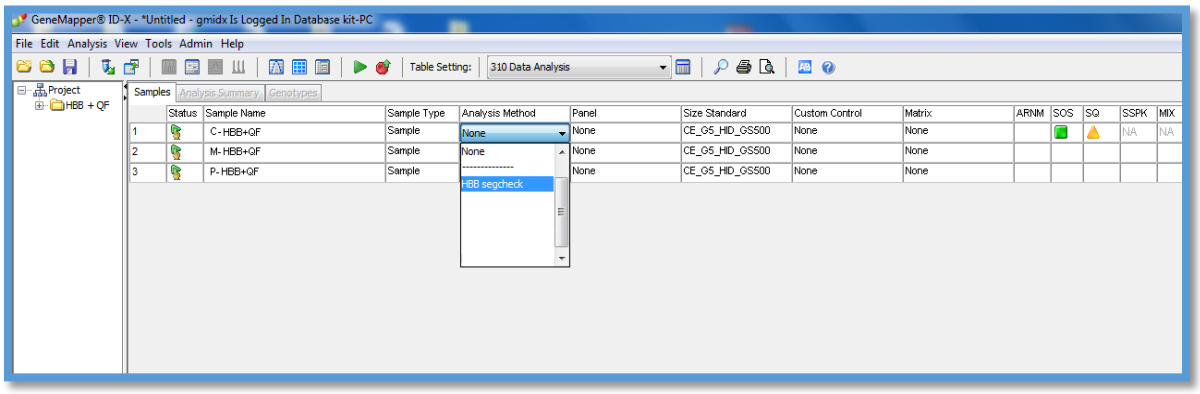
اولین گزینه "Sample Type" می باشد، که با استفاده از لیست کشویی می توان گزینه مناسب از میان این گزینه های "Sample"، "Negative Control"، "Positive Control" و "Allelic Ladder" انتخاب نمایید.



شکل شماره ۱۶: نمایش Sample Type

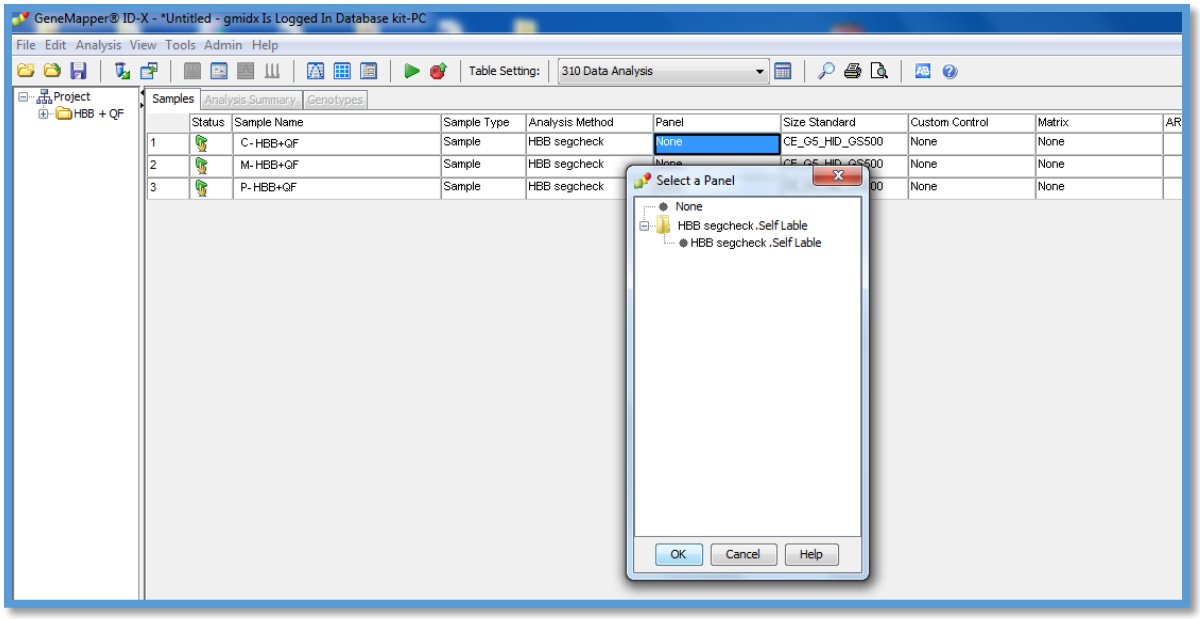
❖ هر فولدری در این پروژه باید حاوی حداقل یک ladder باشد که در دستگاه Inject شده و به عنوان Allelic Ladder تعریف گردد تا برای تعیین ژنوتیپ نمونه ها از آن استفاده شود (این مورد مختص کیت های تعیین هویت می باشد).

۷) در قسمت بالای نمونه های موجود در صفحه، گزینه "Analysis Method" (به طور مثال HBB SegCheck) را باز کرده و مورد Microsatellite Default را انتخاب نمایید؛ سپس Control D را زده تا برای همه نمونه ها تعریف شود.



شکل شماره ۱۷: نمایش Analysis Method

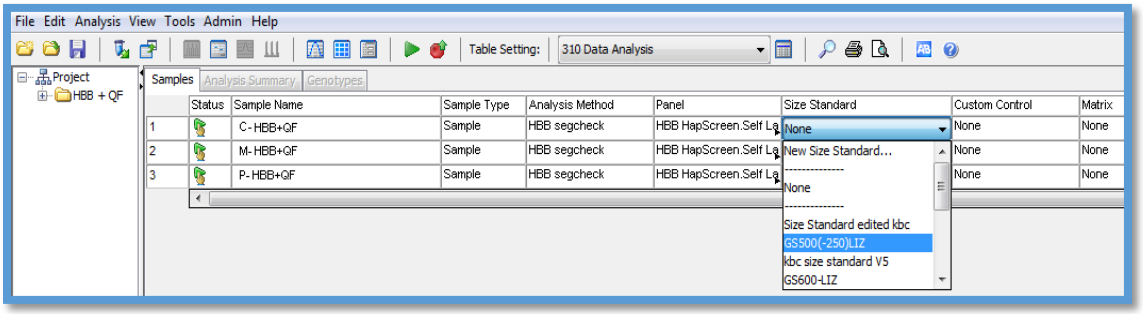
۸) سپس قسمت "Panel" را باز کرده و پنل مرتبط با کیت مورد استفاده (به طور مثال HBB SegCheck) را انتخاب نمایید و سپس Control D را زده تا برای همه نمونه ها تعریف شود.



شکل شماره ۱۸: نمایش Panel

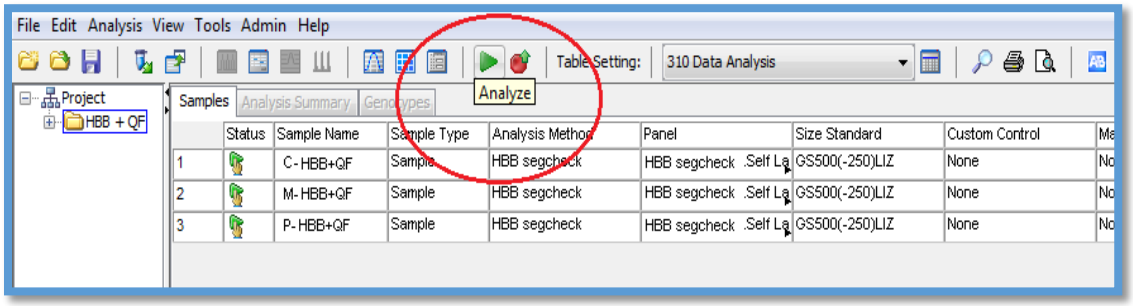
۹) در این مرحله نام "Size Standard" را انتخاب نمایید و سپس Control D را زده تا برای همه نمونه ها تعریف شود.

❖ سایز استانداردی را انتخاب نمایید که همراه با نمونه در دستگاه خوانش شود.



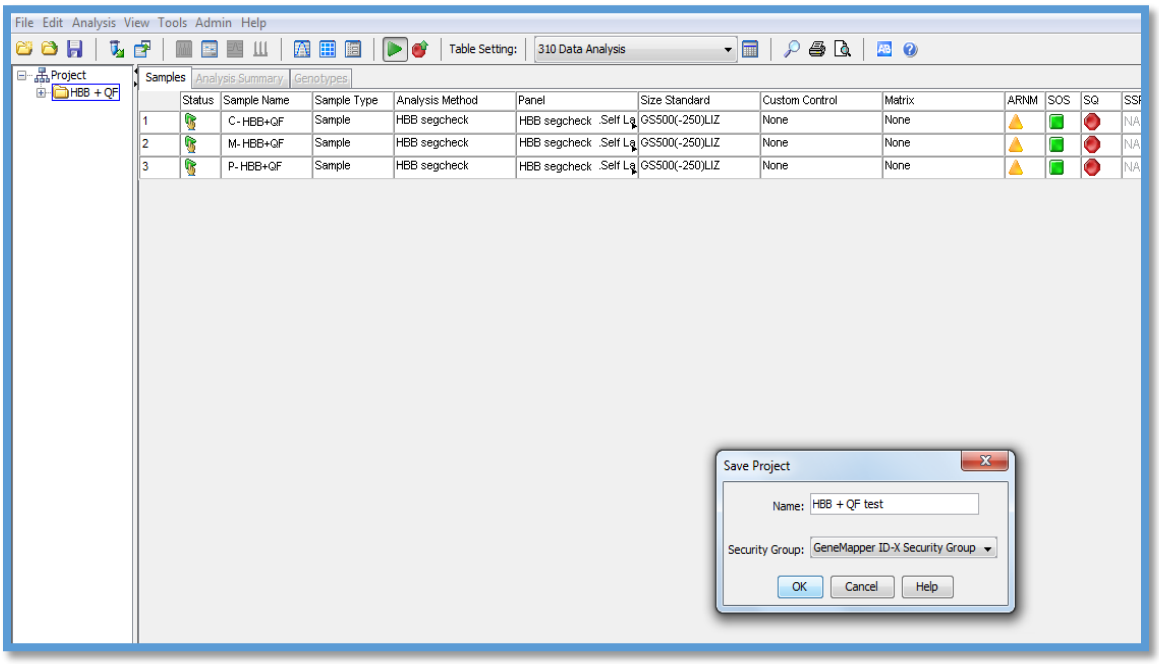
شکل شماره ۱۹: نمایش Size Standard

۱۰) پس از انتخاب سه گزینه مورد نظر، روی دکمه سبز رنگ "Analyze" کلیک نمایید.



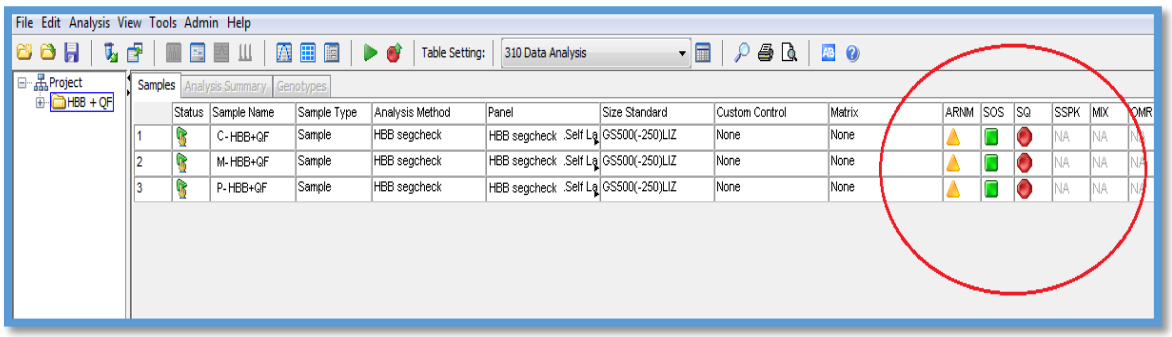
شکل شماره ۲۰: نمایش Analyze

۱۱) در پنجره "Save Project" باز شده در جلو قسمت "Name" نام مناسب برای فایل خود (به طور مثال HBB+QF test) را وارد نمایید.



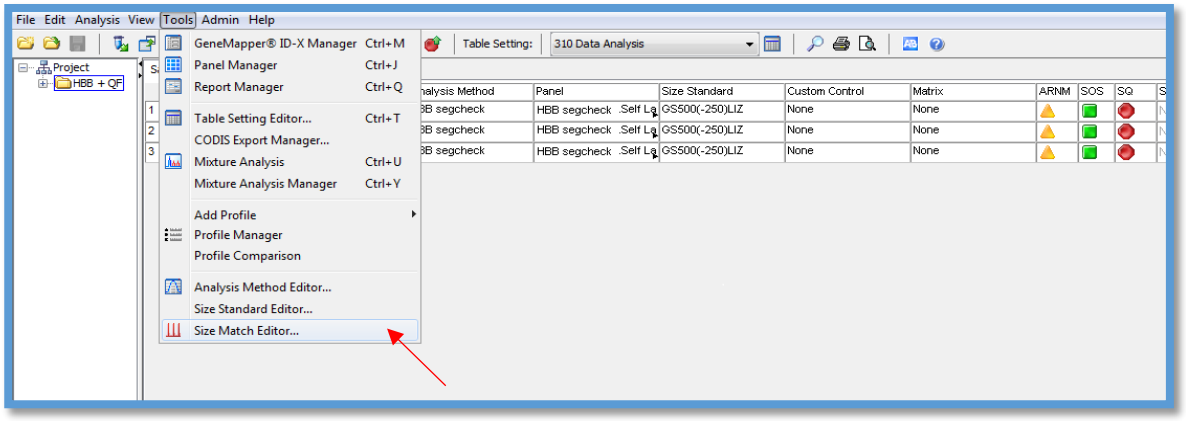
شکل شماره ۲۱: نمایش Save Project

۱۲) در این مرحله ضروری است که گزینه "SQ" نمونه های خود را چک کرده و در صورتی که مانند شکل زیر قرمز نمایش داده شده بودند آن ها را بر طرف کرده و سپس مراحل بعدی را طی کنید.



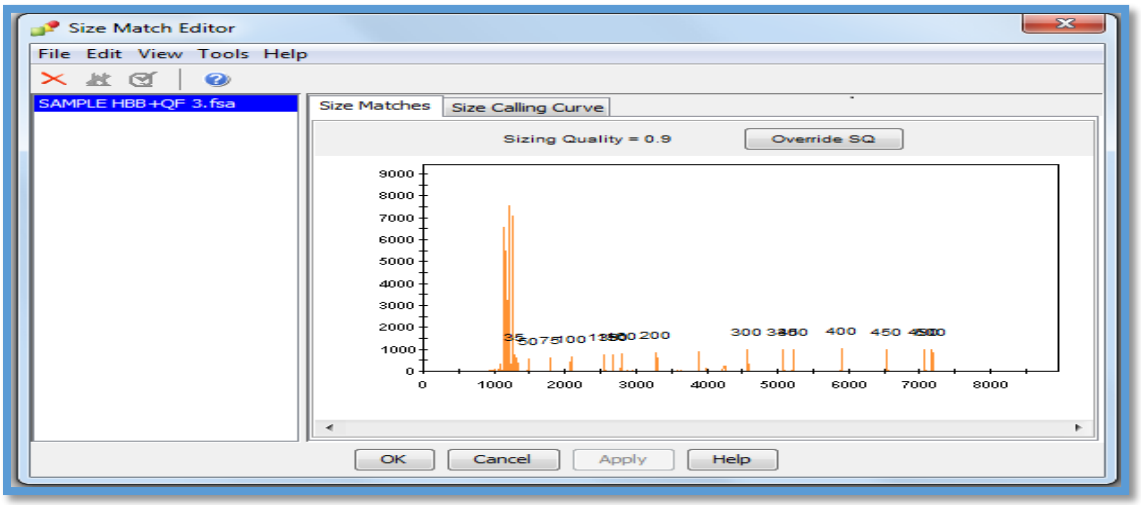
شکل شماره ۲۲: نمایش SQ

۱۳) برای اصلاح کردن SQ، گزینه "Size Match Editor" را از بالای صفحه نرم افزار انتخاب نمایید.



شکل شماره ۲۳: نمایش Size Match Editor

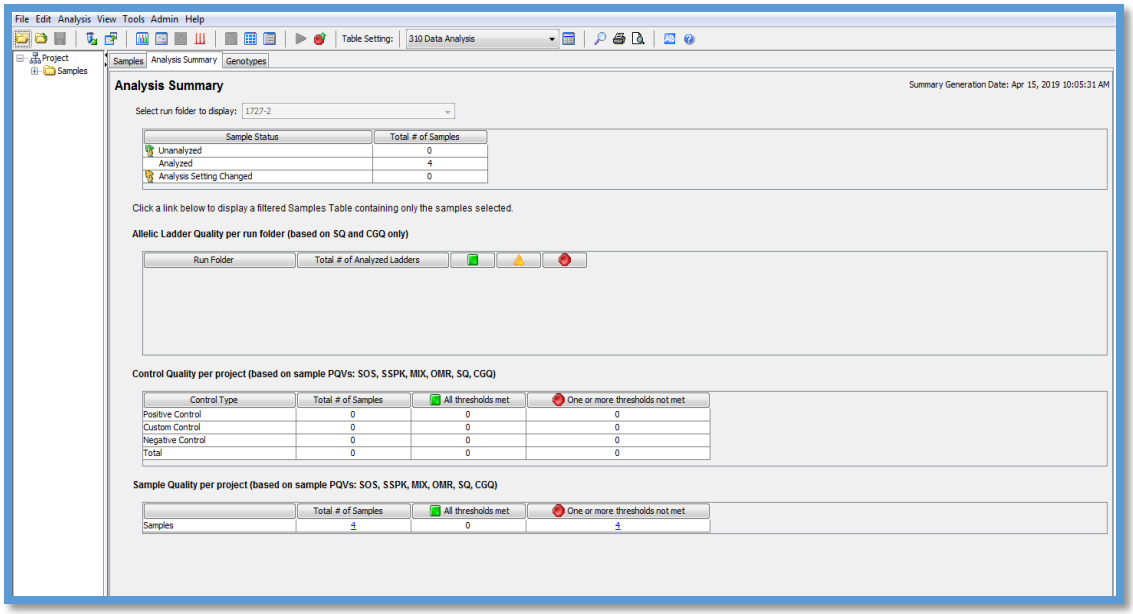
۱۴) در پنجره باز شده پس از انتخاب نمونه بر روی گزینه "Override SQ" در بالا صفحه سمت راست کلیک نمایید و این عمل را به ازای هر تعداد نمونه موجود انجام داده و در نهایت روی گزینه OK کلیک کنید.



شکل شماره ۲۴: نمایش پنجره Size Match Editor

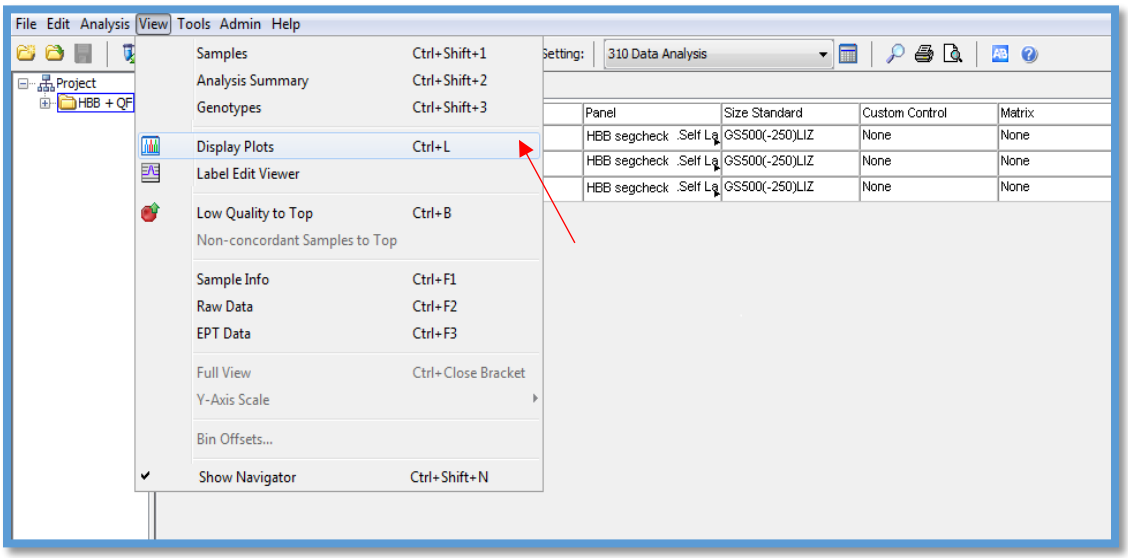
۱۵) مجدداً روی گزینه "Analyze" کلیک نمایید و اطمینان حاصل کرده که علامت SQ به رنگ سبز ( ) در آمده باشد.

➢ پس از اتمام آنالیز، Analysis Summary screen نمایش داده خواهد شد. توصیه می شود که همه مارکرها را با دقت بررسی نمایید، همه نمونه ها از کنترل منفی تا نمونه هایی با ژنوتیپ شناخته شده باید به دقت مورد بررسی قرار بگیرند. بررسی کنید که کیفیت همه نمونه ها تایید شده باشد، از تنظیمات پیش فرض نرم افزار برای تفسیر نمونه‌ها استفاده کنید.



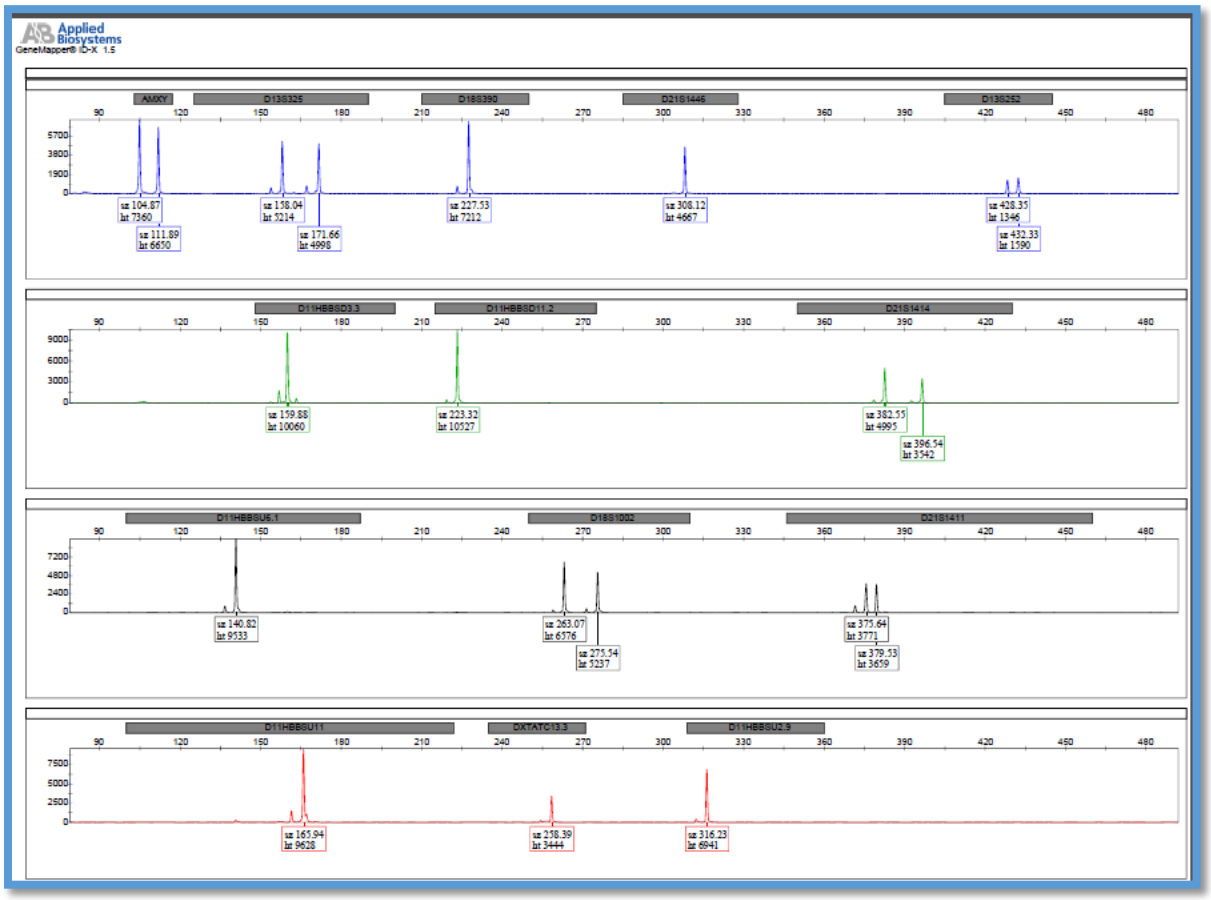
شکل شماره ۲۵: نمایش Analysis Summary screen

۱۶) در آخرین مرحله جهت نمایش نتایج مورد نظر، گزینه "Display Plots" را از بالای صفحه نرم افزار انتخاب نمایید.



شکل شماره ۲۶: نمایش Display Plots

۱۷) نتایج به صورت پنجره زیر نمایش داده می شود.



شکل شماره ۲۷: نمایش پنجره Display Plots

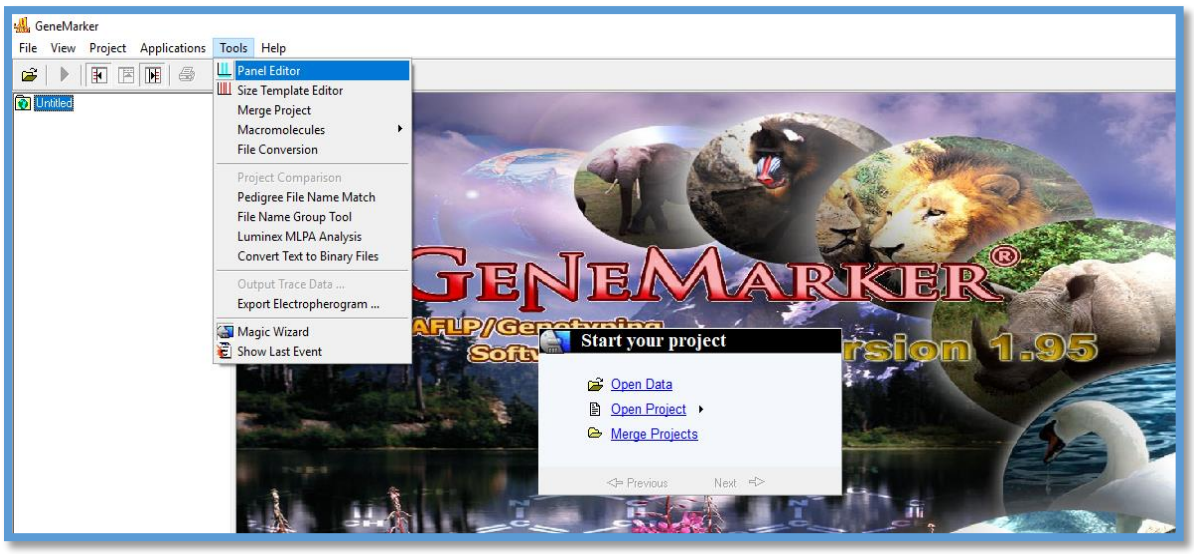
۲,۲. راهنمای تنظیمات نرم افزار GeneMarker®

۲,۲,۱. پیش از شروع آنالیز نمونه ها

۲,۲,۱,۱. وارد کردن Panel

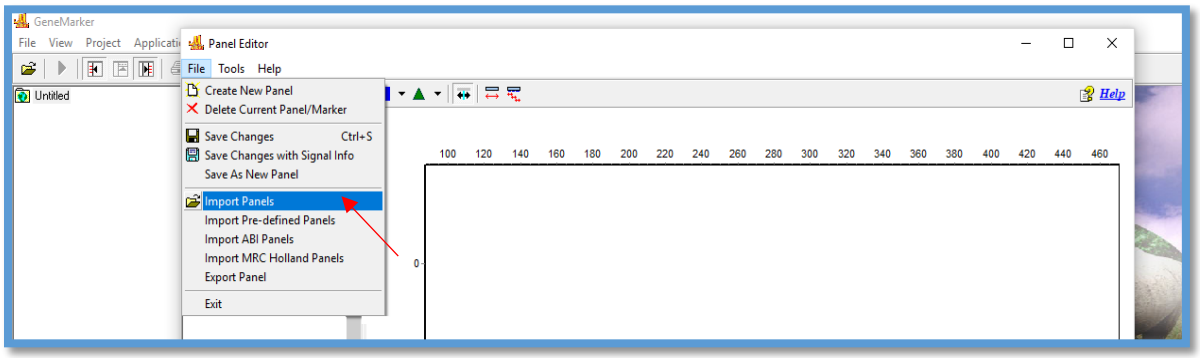
این مورد برای تمامی کیت ها کاربرد دارد. با دانلود کردن پنل مخصوص هر کیت و هر نرم افزار از سایت زیست فناوری کوثر می توانید آن را در نرم افزار Import نمایید. برای Import کردن پنل مراحل زیر را انجام دهید:

۱) ابتدا نرم افزار را باز نمایید. سپس گزینه "Tools" را از قسمت بالای نرم افزار انتخاب نموده و پس از باز شدن لیست کشویی گزینه "Panel Editor" را انتخاب کنید.



شکل شماره ۲۸: نمایش Panel Editor

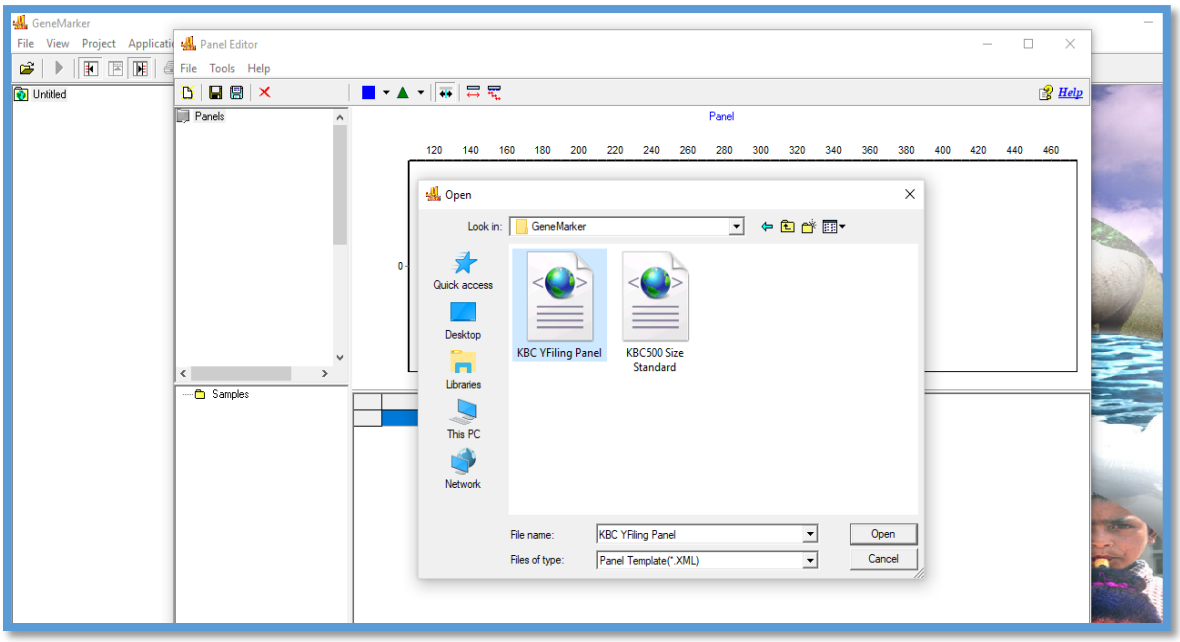
۲) در پنجره باز شده "Panel Editor" گزینه "File" و سپس گزینه "Import Panels" را انتخاب کرده تا پنل دانلود شده از سایت را وارد نرم افزار نمایید.



شکل شماره ۲۹: نمایش Import Panels

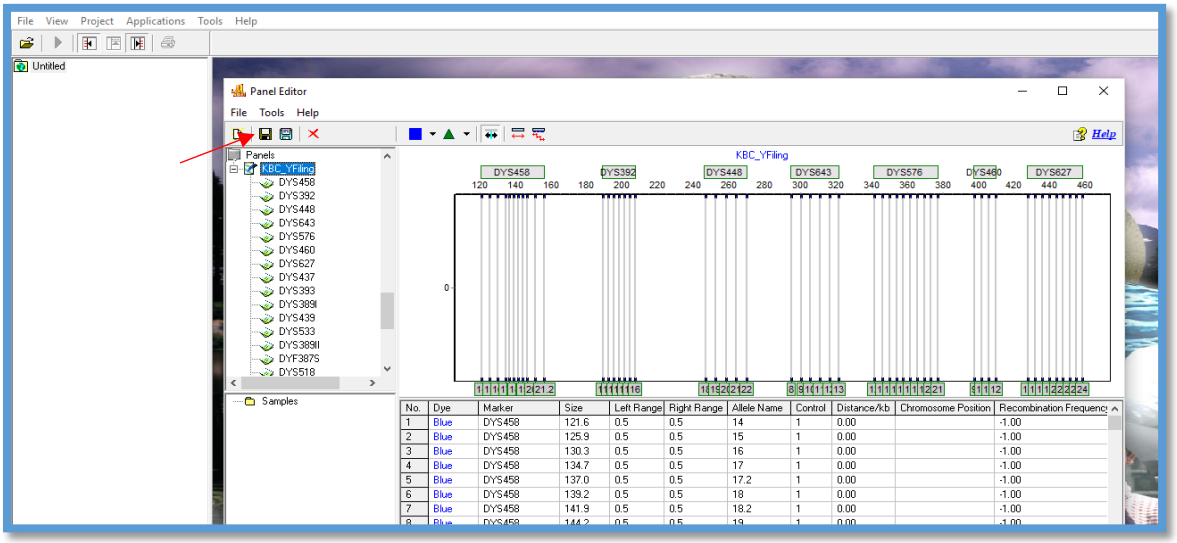
❖ در صورتی که می خواهید پنل جدید را به صورت دستی وارد نمایید، گزینه "Create New Panel" را انتخاب کنید.

۳) پس از باز شدن پنجره "Import Panels"، پنلی را که قبلا از سایت شرکت زیست فناوری کوثر دانلود نموده (به طور مثال پنل کیت YFiling) را باز کرده و آن را Import نمایید.



شکل شماره ۳۰: نمایش Import Panels

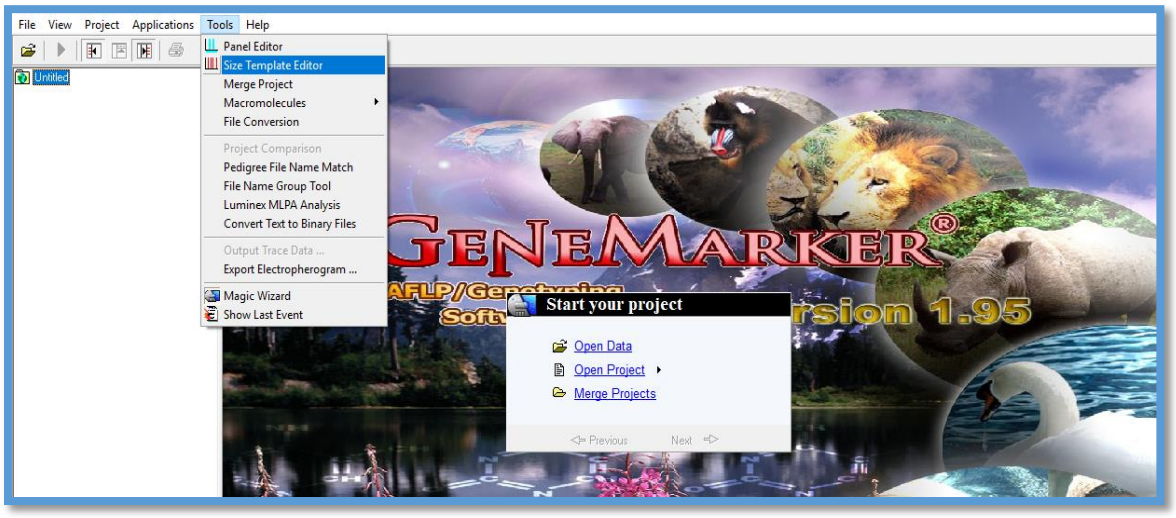
۴) پس از وارد کردن پنل، نهایتاً بر روی "Save Changes" کلیک کنید تا تغییرات اعمال شده در نرم افزار ذخیره گردد.



شکل شماره ۳۱: نمایش Save Changes

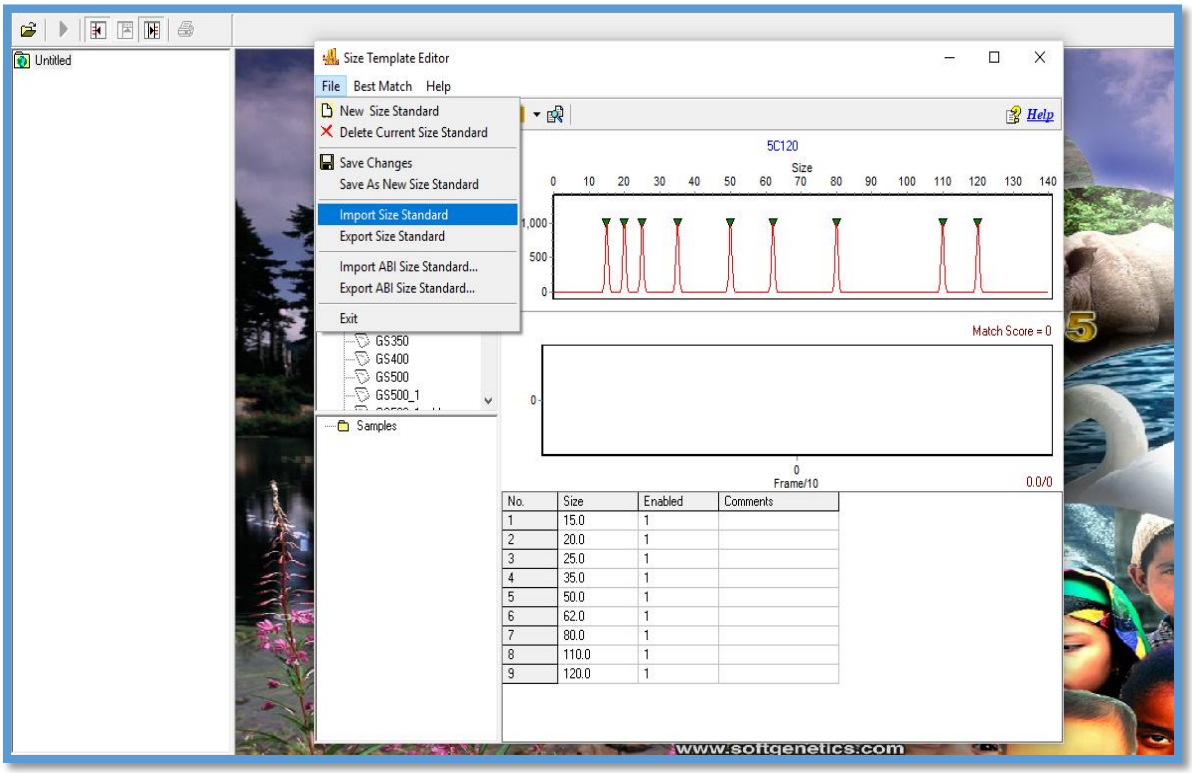
۲،۲،۱،۲. وارد کردن Size Standard

۱) ابتدا گزینه "Tools " را انتخاب نموده و پس از باز شدن لیست کشویی گزینه "Size Template Editor" را انتخاب کنید.



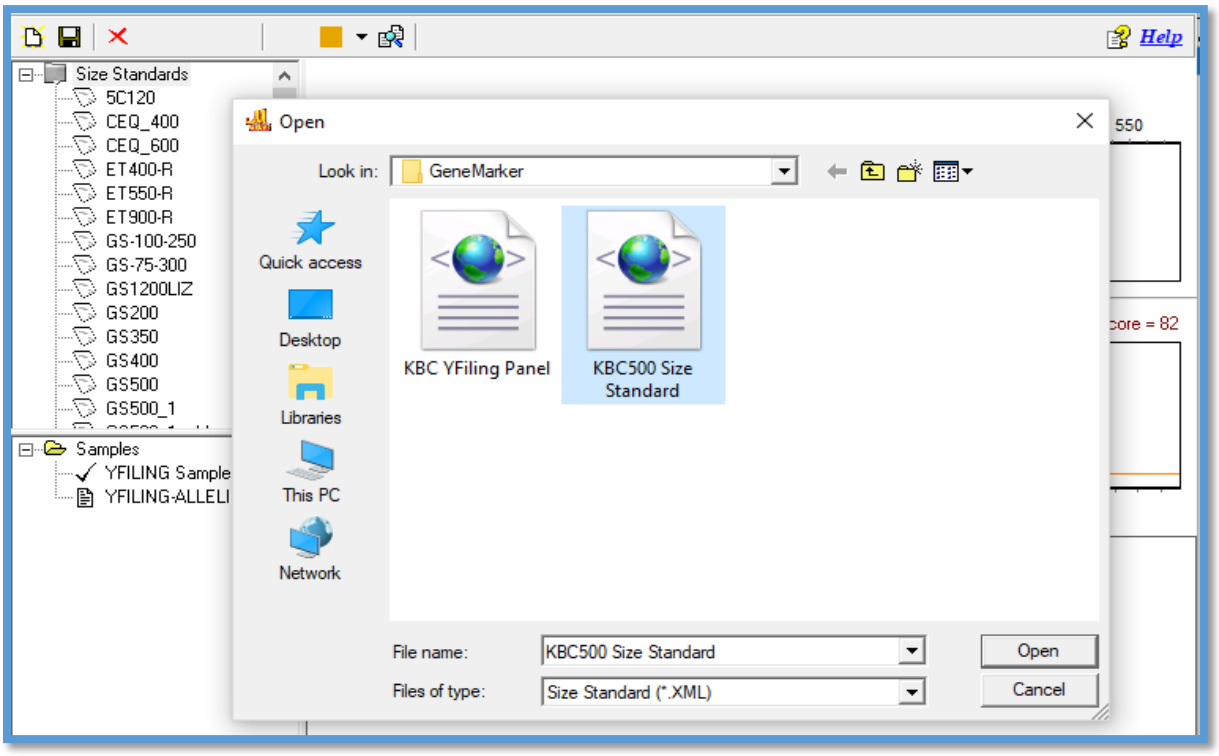
شکل شماره ۳۲: نمایش Size Template Editor

۲) در پنجره باز شده "Size Template Editor" گزینه "File" و سپس گزینه "Import Size Standard" را انتخاب نمایید.



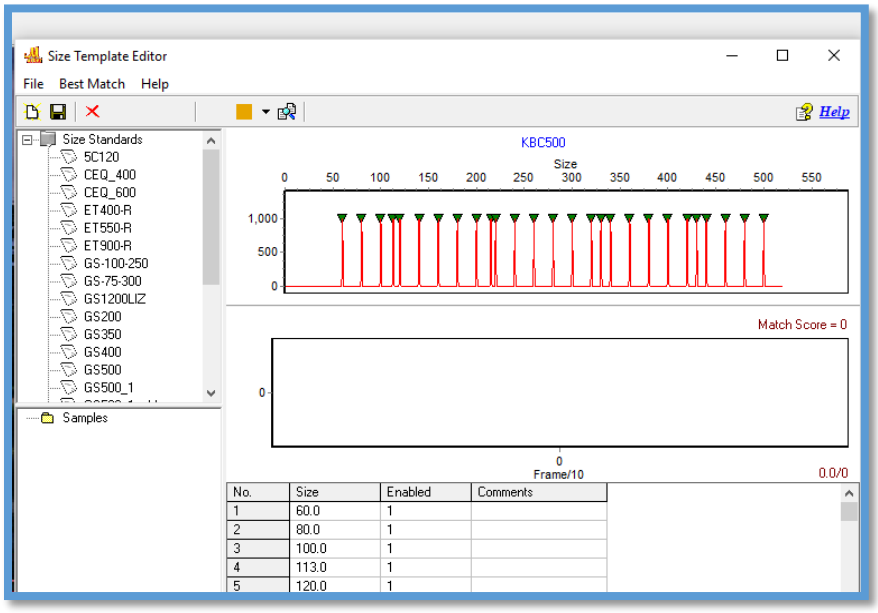
شکل شماره ۳۳: نمایش پنجره Size Template Editor

۳) سایز استاندارد مورد نظر را وارد نمایید.



شکل شماره ۳۴: نمایش وارد کردن سایز استاندارد

۴) پس از مشاهده سایز استاندارد و اطمینان از صحت و درستی آن، بر روی "Save Changes" کلیک کنید تا تغییرات اعمال شده در نرم افزار ذخیره گردد.



شکل شماره ۳۵: نمایش Save Changes

❖ لازم به ذکر است این نرم افزار نیازی به Analysis Method ندارد.

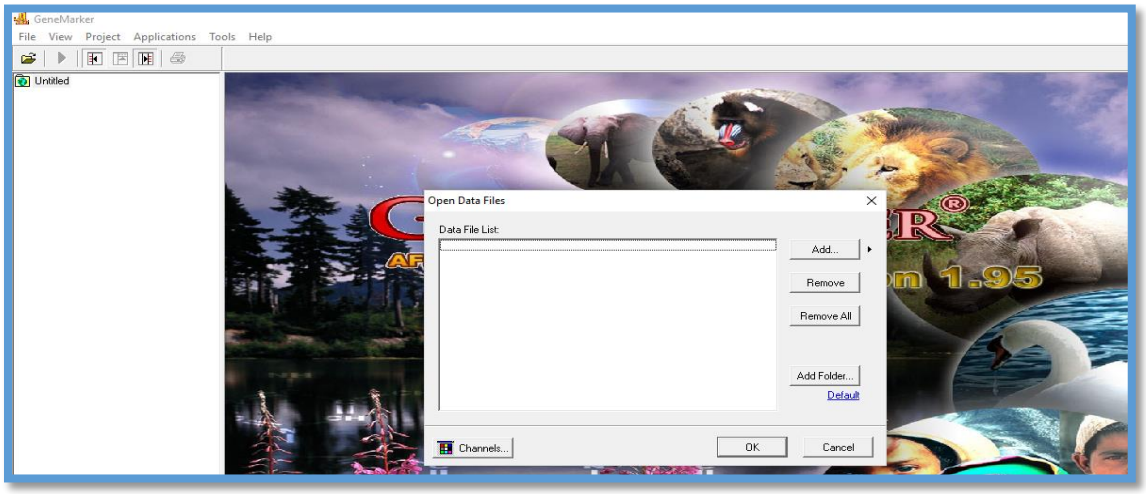
۲,۲,۲. نحوه شروع آنالیز با نرم افزار

جهت شروع آنالیز نتایج و کار با نرم افزار GeneMarker، مراحل زیر را انجام دهید:

۱) نرم افزار GeneMarker را باز کنید و سپس گزینه "Open Data" را انتخاب نمایید.

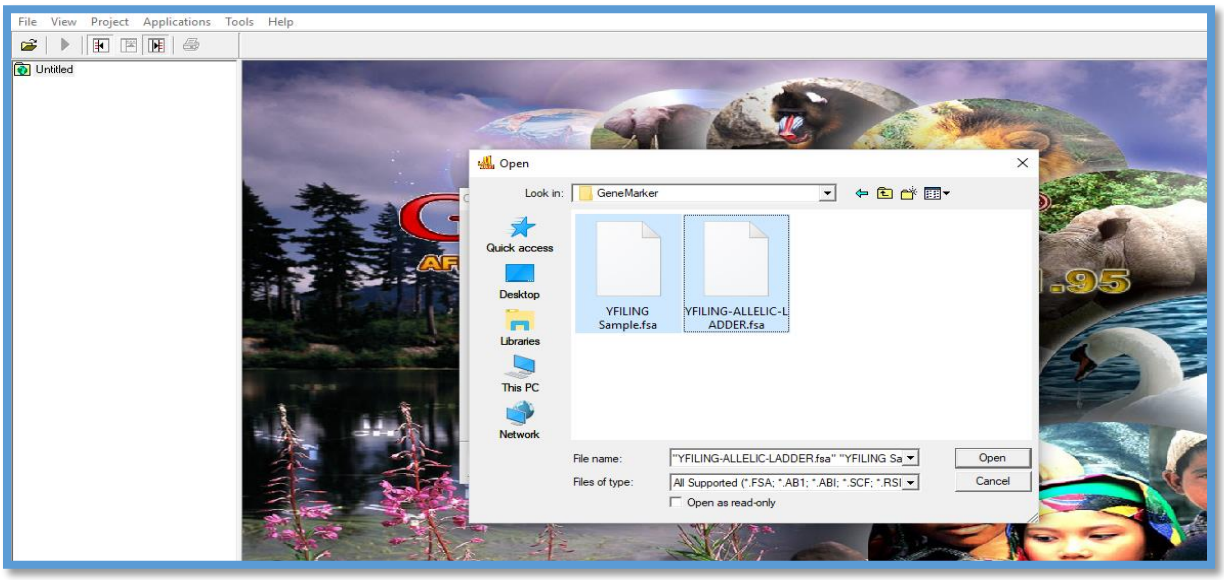
شکل شماره ۳۶: نمایش Open Data

۲) در پنجره باز شده، گزینه "Add" انتخاب نمایید.



شکل شماره ۳۷: نمایش گزینه Add

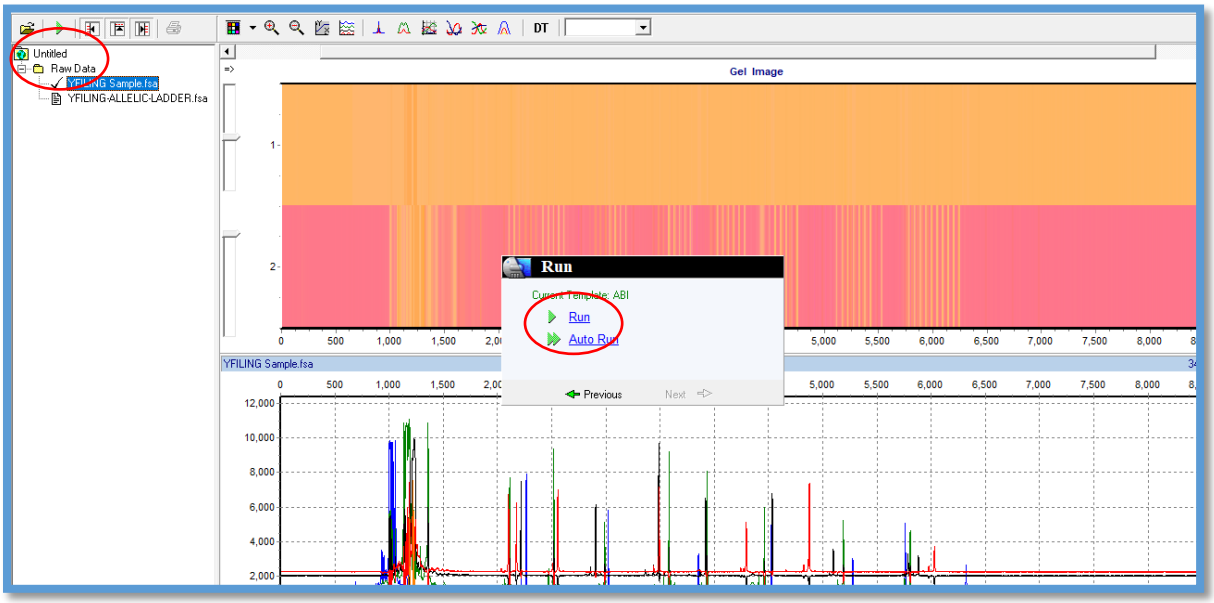
۳) پس از انتخاب فایل های مورد نظر (به طور مثال فایل مربوط به نتایج کیت YFiling و Allelic Ladder مرتبط با آن) و وارد کردن در پنجره "Data File List"، روی گزینه OK کلیک کنید.



شکل شماره ۳۸: نمایش پنجره Data File List

❖ هر فایلی که مربوط به کیت های تعیین هویت می باشد، باید حاوی حداقل یک Ladder باشد که در دستگاه Inject شده و به عنوان Allelic Ladder تعریف گردد تا برای تعیین ژنوتیپ نمونه ها از آن استفاده شود.

۴) سپس در صفحه ایجاد شده، بر روی گزینه "Run" یا دکمه سبز رنگ "Run Project" در بالای صفحه کلیک نمایید.



شکل شماره ۳۹: نمایش Run Project

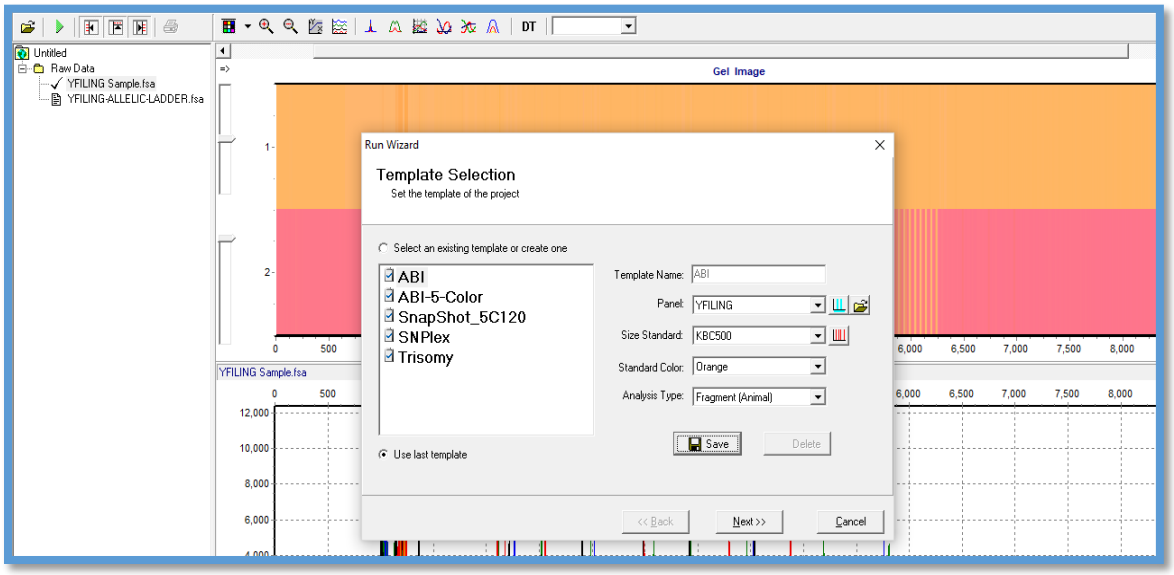
۵) در پنجره باز شده همانطور که مشاهده می نمایید پارامترهایی موجود است که باید تکمیل گردد.

اولین گزینه قابل تغییر "Panel" می باشد، که با استفاده از لیست کشویی می توان گزینه مناسب را نمایید.

دومین گزینه "Size Standard" که باید مطلع شوید با چه سایز استاندارد خوانده شده است مثلاً KBC500 را انتخاب کنید.

سومین گزینه "Standard Color" بوده که رنگ مطابق با آن Orange می باشد.

چهارمین گزینه "Analysis Type" است که بسته به نمونه به طور مثال در اینجا با Fragment (Animal) پر خواهد شد.

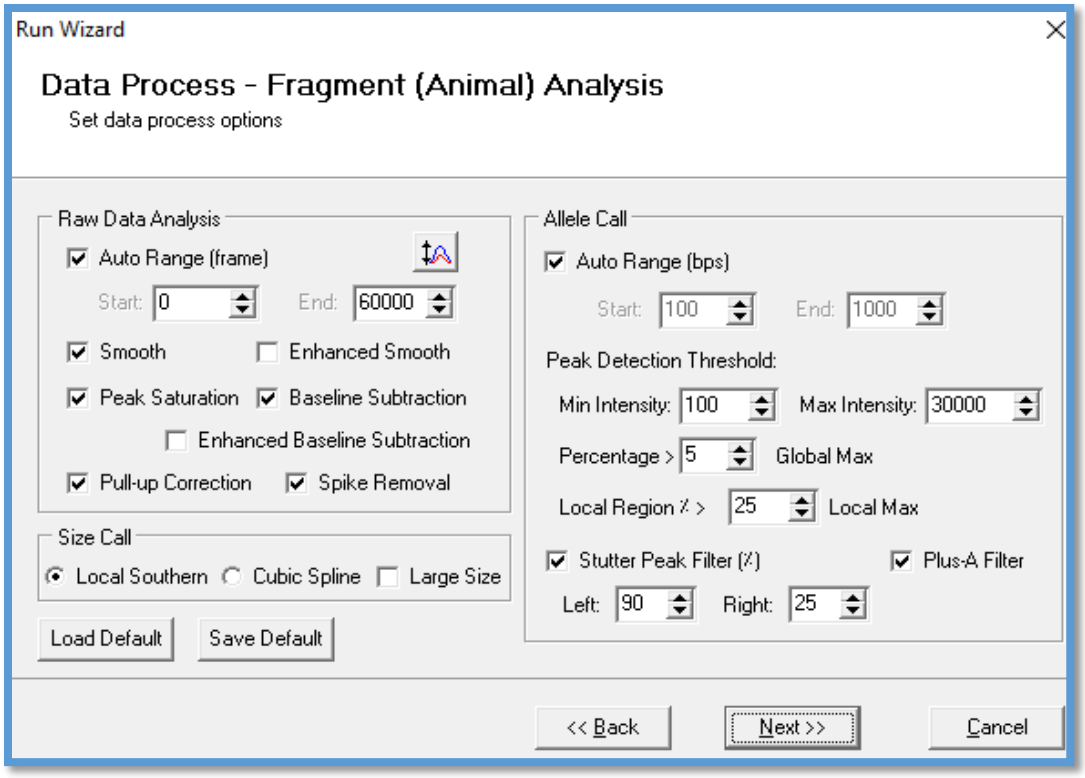


شکل شماره ۴۰: نمایش پارامترهای Run Wizard

به کادر سمت چپ دست نزده و بر روی گزینه Save و Next کلیک نمایید.

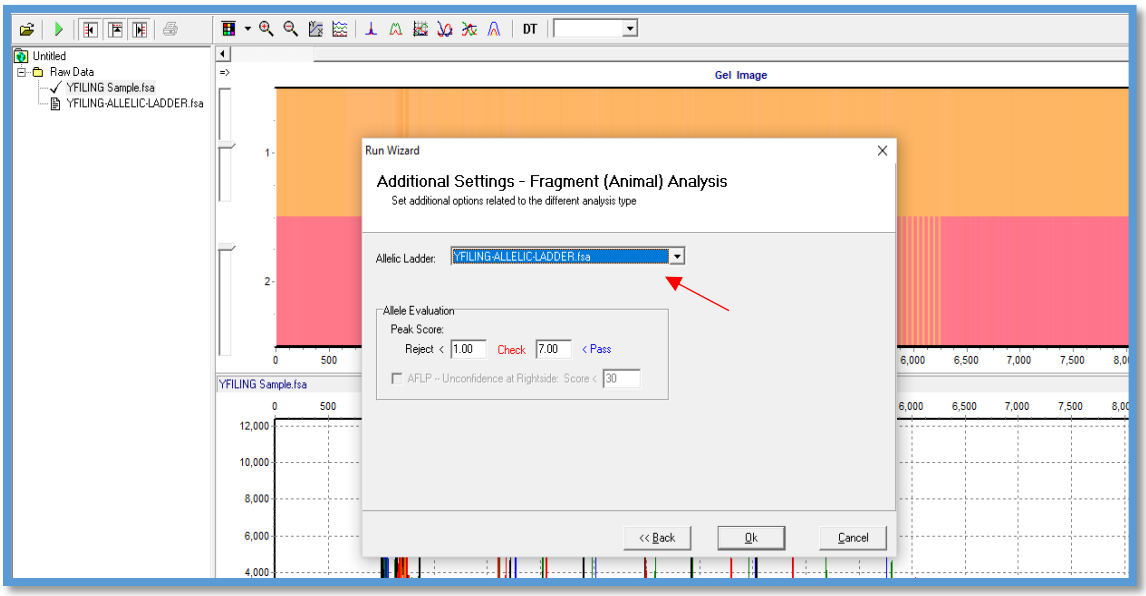
❖ لازم به ذکر است که پنل و سایز استاندارد را می توانید از آیکون های آبی و قرمز رنگ یا علامت فولدر که در کنار کادر آن ها موجود است و در این شکل مشاهده می کنید، نیز وارد نمایید.

۶) در پنجره "Data Process" تمامی پارامترها را در حالت Default گذاشته شود مگر آنکه نیازمند تغییر باشد. سپس بر روی گزینه Next کلیک کنید.



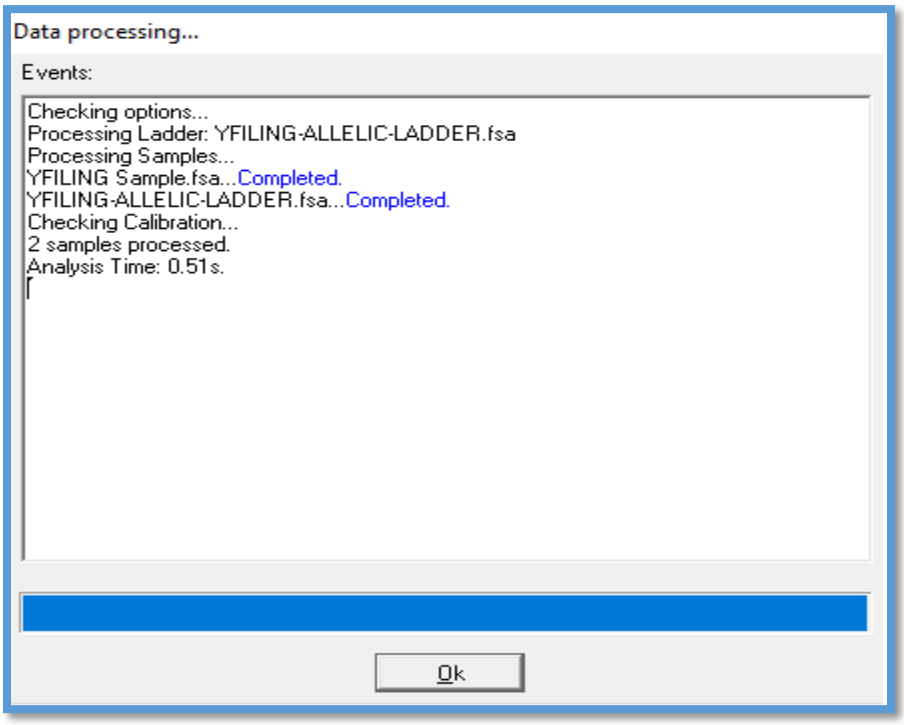
شکل شماره ۴۱: نمایش پنجره Data Process

۷) در قسمت "Additional Setting" در کادر Allelic Ladder، لدر مربوط به کیت را که همراه با نمونه خوانش شده انتخاب نموده و بر روی گزینه OK کلیک نمایید.



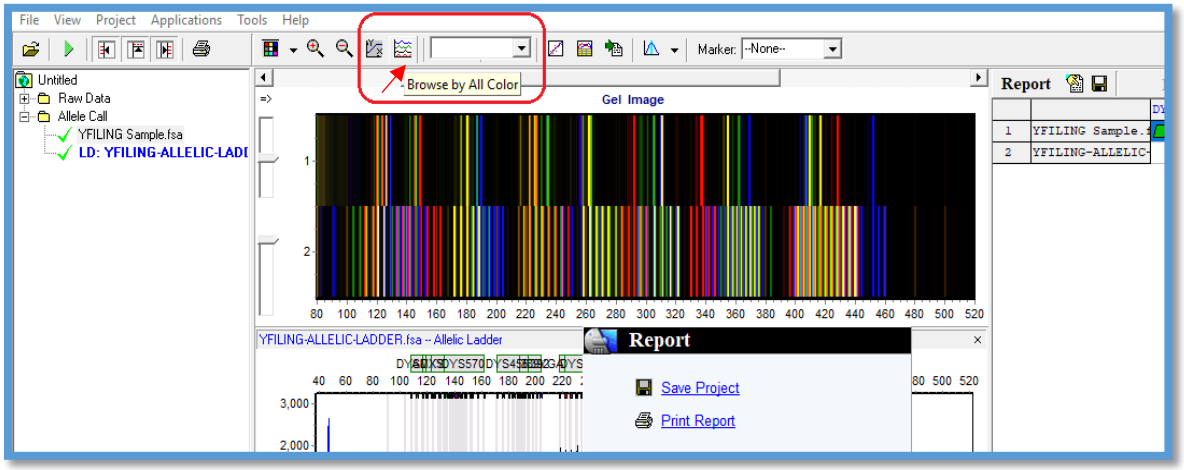
شکل شماره ۴۲: نمایش Additional Setting

۸) پنجره Data processing را OK کنید.



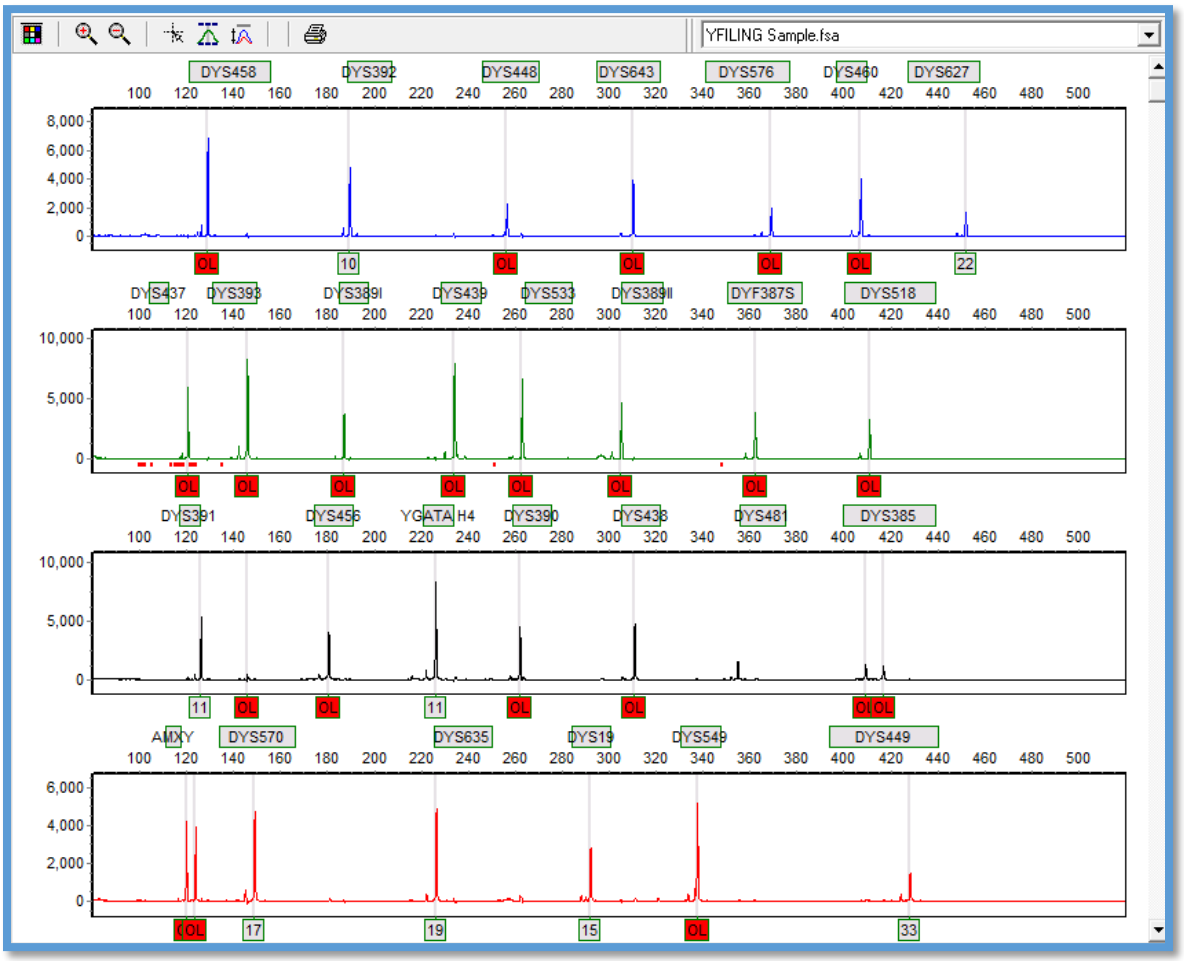
شکل شماره ۴۳: نمایش Data processing

۹) در نهایت جهت نمایش نتایج مورد نظر، بر روی گزینه "Browse By All Color" کلیک نمایید.



شکل شماره ۴۴: نمایش Browse By All Color

۱۰) نتایج به صورت پنجره زیر نمایش داده می شود.



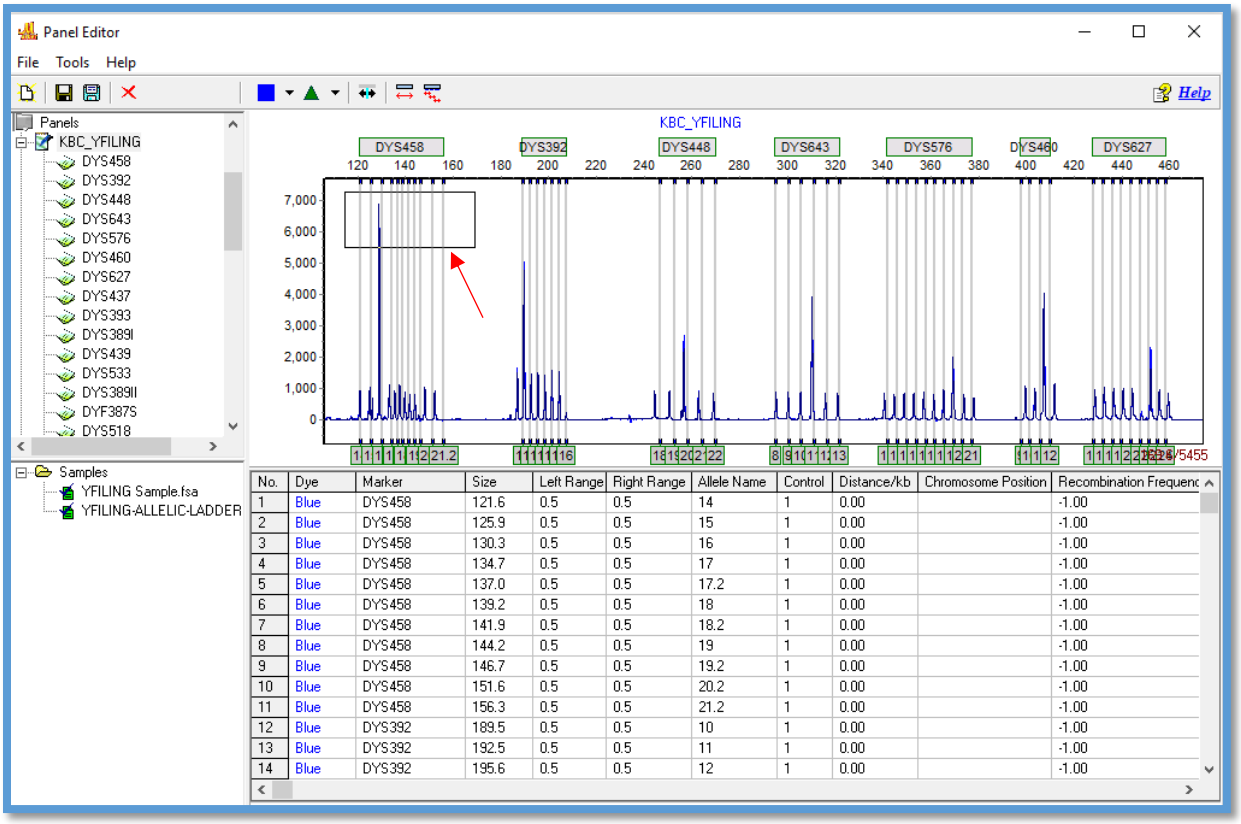
شکل شماره ۴۵: نمایش نتیجه اولیه

همانطور که مشاهده می نمایید در بیشتر محل ها Off Ladder (OL) به جای شماره الل زده شده است و این نتیجه در این مرحله طبیعی است. از آنجایی که در نرم افزار GeneMarker، Bin Set به طور جداگانه وارد نمی گردد، بنابراین پس از خوانش نمونه با Allelic Ladder باید لدر با پنل مربوطه Adjust شود تا تمامی محل ها الل درست را نمایش دهند.

۳،۲،۲. Adjust کردن پنل با Allelic Ladder

۱) ابتدا گزینه "Tools " و سپس "Panel Editor" را انتخاب کنید.

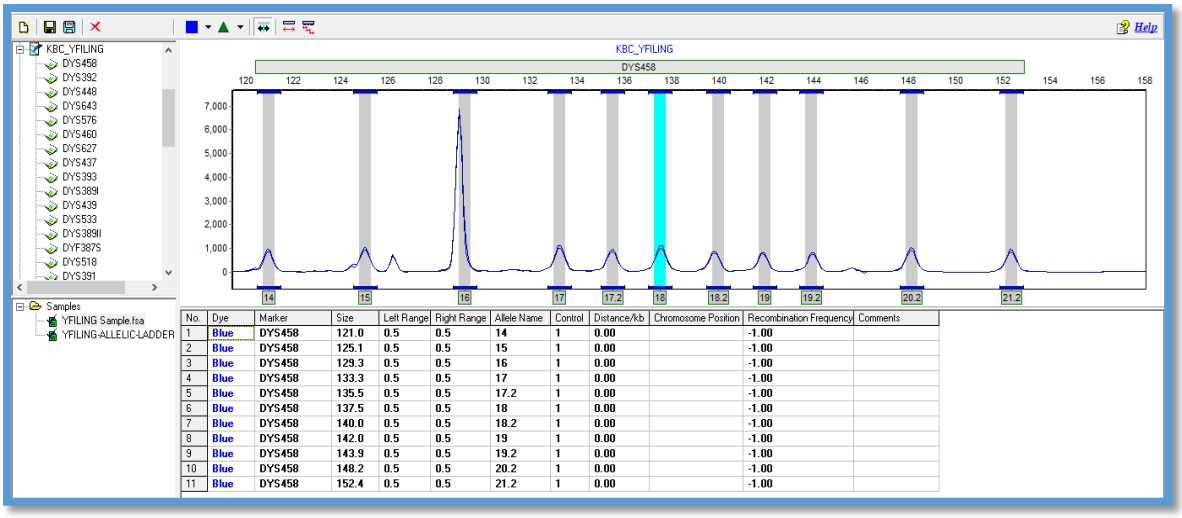
۲) پس از باز شدن پنجره "Panel Editor" و انتخاب پنل مربوطه، همانند شکل زیر فاصله بین پیک های هر محل ها را بوسیله موس کامپیوتر زیاد نمایید تا بتوان به راحتی Adjust کرد.



شکل شماره ۴۶: نمایش Panel Editor

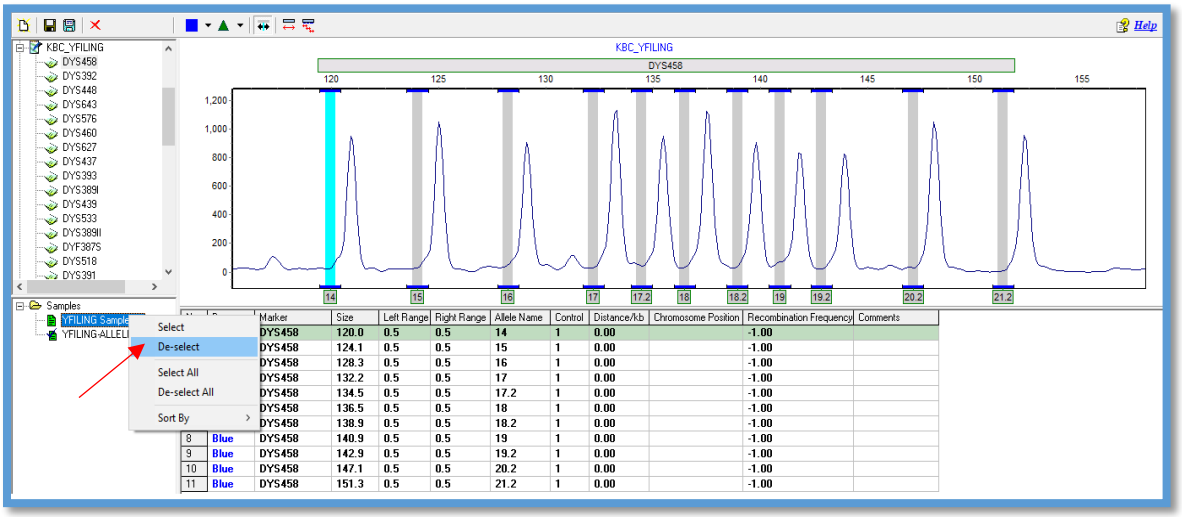
۳) در شکل مرحله قبل همانطور که مشاهده می کنید به دلیل بارگذاری همزمان نمونه و لدر، نمی توان پیک های مناسب را با لدر Adjust نمود. بنابراین لازم است تمام نمونه ها را de-select نمایید تا تنها Allelic Ladder نمایش داده شده و پیک های درست Adjust شود.

به طور مثال در شکل زیر همانطور که پیداست در اولین محل (DYS458) کیت YFiling، نمی توان پیک مناسب را انتخاب نمود.



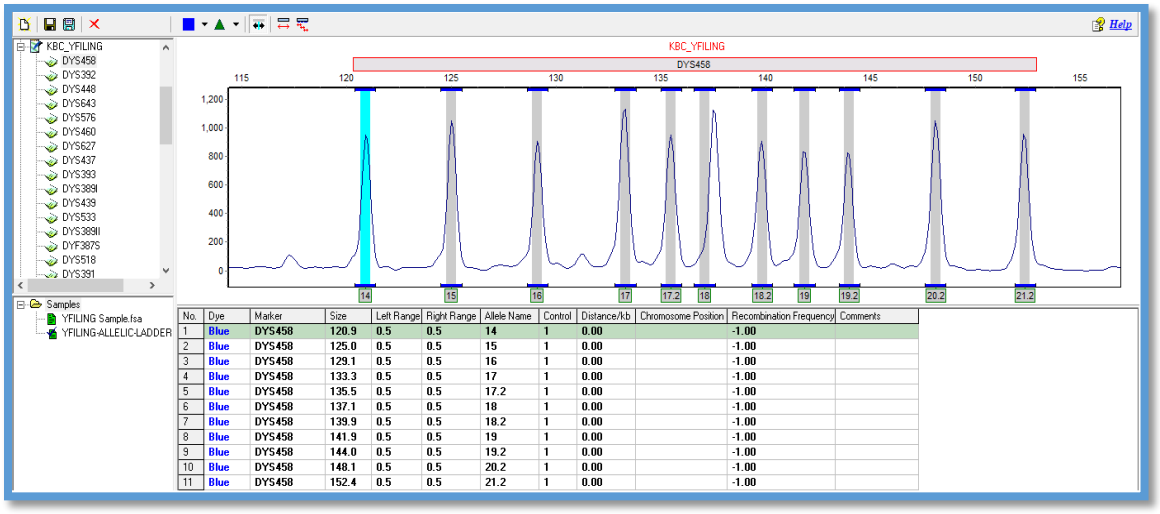
شکل شماره ۴۷: نمایش عدم تنظیم پیک ها

بنابراین بر روی YFiling Sample.fsa (طبق شکل زیر) کلیک راست و سپس de-select نمایید تا تمامی پیک های مربوط به Allelic Ladder نمایان گردد.



شکل شماره ۴۸: نمایش de-select

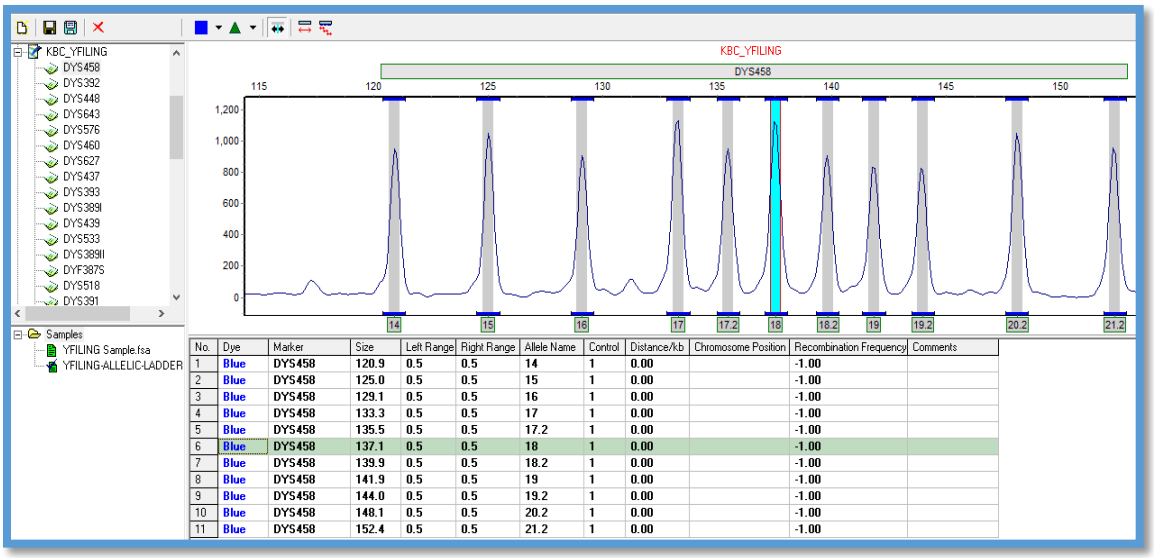
۴) در این مرحله مشاهده می نمایید که تمامی پیک ها خارج از طیف تعریف شده می باشند. به همین منظور ابتدا دکمه shift را بر روی کیبورد گرفته و پس از آنکه نوشته KBC_YFILING بالای نام مارکر قرمز گشت، بوسیله موس بر روی نام مارکر نگه داشته و مشاهده می کنید که می توان Bin Set ها را بر روی پیک های Allelic Ladder صحیح Adjust کرد.



No.	Dye	Marker	Size	Left Range	Right Range	Allele Name	Control	Distance/kb	Chromosome Position	Recombination Frequency	Comments
1	Blue	DYS458	120.9	0.5	0.5	14	1	0.00		-1.00	
2	Blue	DYS458	125.0	0.5	0.5	15	1	0.00		-1.00	
3	Blue	DYS458	129.1	0.5	0.5	16	1	0.00		-1.00	
4	Blue	DYS458	133.3	0.5	0.5	17	1	0.00		-1.00	
5	Blue	DYS458	135.5	0.5	0.5	17.2	1	0.00		-1.00	
6	Blue	DYS458	137.1	0.5	0.5	18	1	0.00		-1.00	
7	Blue	DYS458	139.9	0.5	0.5	18.2	1	0.00		-1.00	
8	Blue	DYS458	141.9	0.5	0.5	19	1	0.00		-1.00	
9	Blue	DYS458	144.0	0.5	0.5	19.2	1	0.00		-1.00	
10	Blue	DYS458	148.1	0.5	0.5	20.2	1	0.00		-1.00	
11	Blue	DYS458	152.4	0.5	0.5	21.2	1	0.00		-1.00	

شکل شماره ۴۹: نمایش Adjust صحیح

۵) در این مرحله چک نمایید تا تمامی پیک ها در طیف تعریف شده قرار گرفته باشند. در غیر این صورت می توانید با فشار دادن دکمه shift و استفاده از موس، اینبار تنها بر روی Bin Set هایی که بر روی پیک خود قرار نگرفته است (به طور مثال الل ۱۸ موجود در شکل که به رنگ آبی در آمده)، هر الل را به طور جداگانه کلیک کرده و آن را تکان دهید.

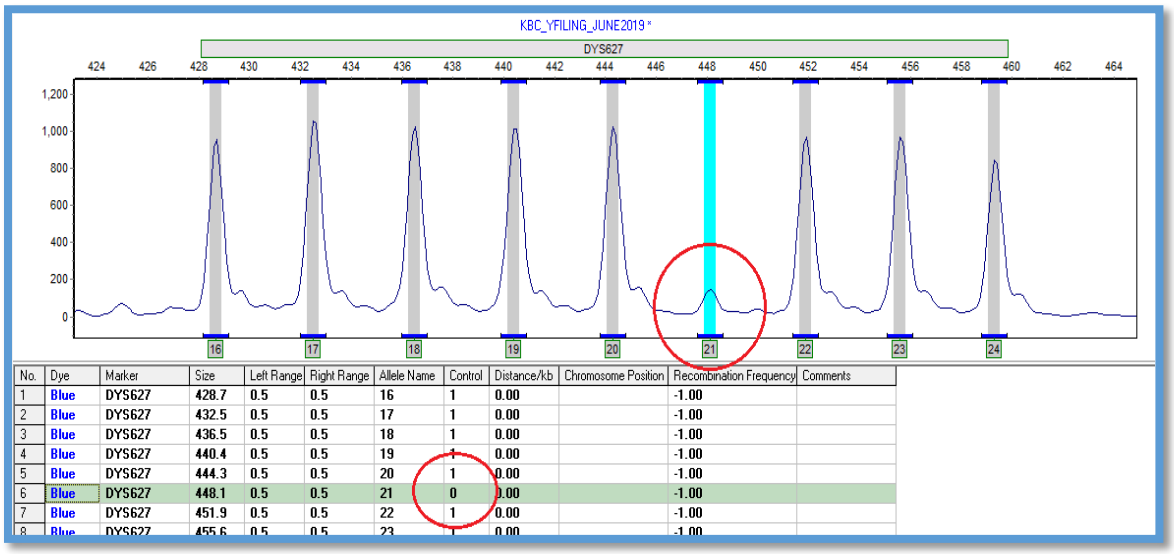


No.	Dye	Marker	Size	Left Range	Right Range	Allele Name	Control	Distance/kb	Chromosome Position	Recombination Frequency	Comments
1	Blue	DYS458	120.9	0.5	0.5	14	1	0.00		-1.00	
2	Blue	DYS458	125.0	0.5	0.5	15	1	0.00		-1.00	
3	Blue	DYS458	129.1	0.5	0.5	16	1	0.00		-1.00	
4	Blue	DYS458	133.3	0.5	0.5	17	1	0.00		-1.00	
5	Blue	DYS458	135.5	0.5	0.5	17.2	1	0.00		-1.00	
6	Blue	DYS458	137.1	0.5	0.5	18	1	0.00		-1.00	
7	Blue	DYS458	139.9	0.5	0.5	18.2	1	0.00		-1.00	
8	Blue	DYS458	141.9	0.5	0.5	19	1	0.00		-1.00	
9	Blue	DYS458	144.0	0.5	0.5	19.2	1	0.00		-1.00	
10	Blue	DYS458	148.1	0.5	0.5	20.2	1	0.00		-1.00	
11	Blue	DYS458	152.4	0.5	0.5	21.2	1	0.00		-1.00	

شکل شماره ۵۰: نمایش قرار دادن پیک ها در طیف

❖ این نکته را مد نظر داشته باشد که الل های موجود در جدول پایین هر ماکر در ستون جداگانه ای به دو گروه ۰ و ۱ تقسیم شده اند. آن هایی که اعداد ۱ دارند حضور الل و آن هایی که اعداد ۰ دارند عدم حضور الل را تایید می نماید. به طور مثال در

مارکر DYS627 الل ۲۱ وجود نداشته و همانطور که مشاهده می کنید به صورت یک پیک با ارتفاع خیلی کوتاه همانند نویز نشان داده شده است.



No.	Dye	Marker	Size	Left Range	Right Range	Allele Name	Control	Distance/kb	Chromosome Position	Recombination Frequency	Comments
1	Blue	DYS627	428.7	0.5	0.5	16	1	0.00		-1.00	
2	Blue	DYS627	432.5	0.5	0.5	17	1	0.00		-1.00	
3	Blue	DYS627	436.5	0.5	0.5	18	1	0.00		-1.00	
4	Blue	DYS627	440.4	0.5	0.5	19	1	0.00		-1.00	
5	Blue	DYS627	444.3	0.5	0.5	20	1	0.00		-1.00	
6	Blue	DYS627	448.1	0.5	0.5	21	0	0.00		-1.00	
7	Blue	DYS627	451.9	0.5	0.5	22	1	0.00		-1.00	
8	Blue	DYS627	455.6	0.5	0.5	23	1	0.00		-1.00	

شکل شماره ۵۱: نمایش الل های دو گروه ۰ و ۱

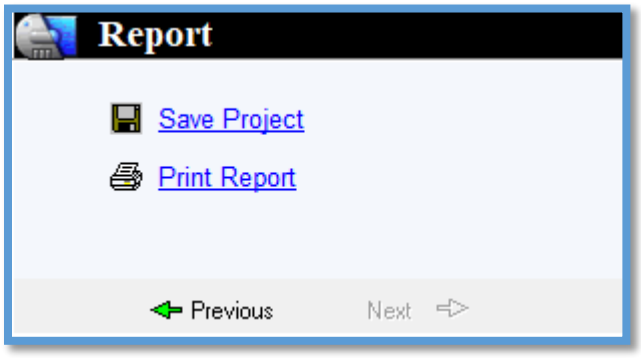
سپس به ترتیب هر محل را با توجه به توضیحاتی که داده شد Adjust کرده و در نهایت بر روی دکمه "Save Changes" یا در صورتی که اعمال تغییرات را نمی خواهید روی پنل اصلی ذخیره نمایید، آیتم فایل را در بالای صفحه باز کرده و گزینه "Save As New Panel" انتخاب کرده تا پنل با نام جدیدی ذخیره گردد.

۶) در آخر مجدداً روی گزینه "Run Project" و نهایتاً "Browse By All Color" کلیک نمایید و اطمینان حاصل کرده که تمامی الل ها با مقایسه با نمونه کنترل در جایگاه درست قرار گرفته اند.

شکل شماره ۵۲: نمایش نهایی نتیجه

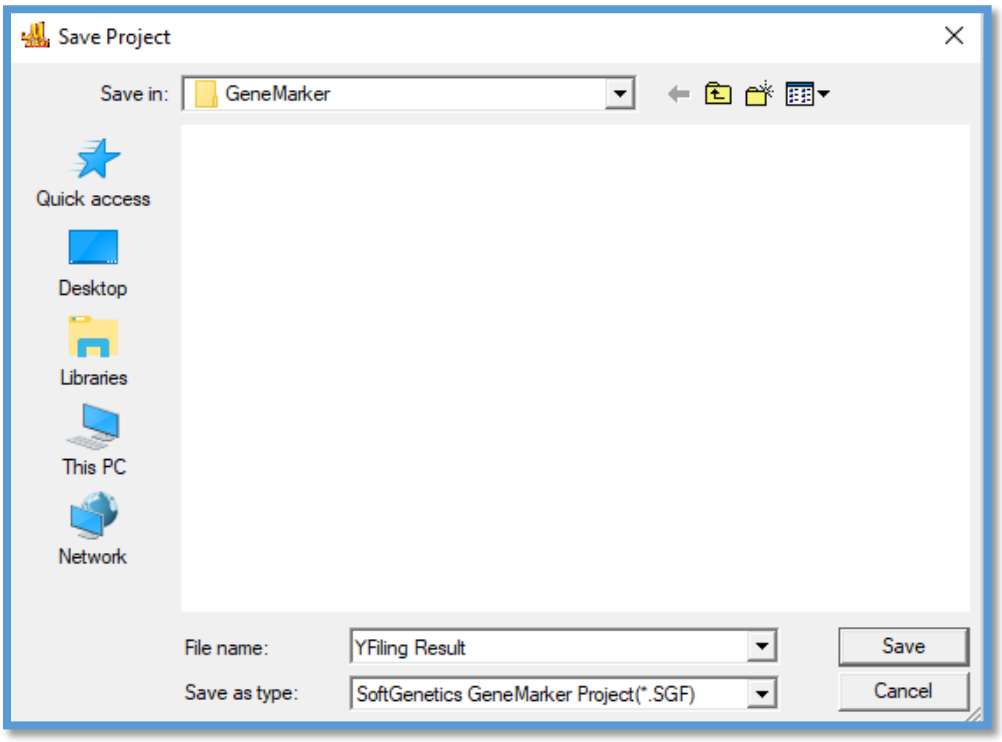
❖ در صورتی که نمونه نیازی به اللیک لدر نداشته باشد (همانند کیت AneuQuick)، اگر پیکی خارج از بازه تعیین شده مارکر مرتبط باشد و OL نمایش دهد می توان از روشی که در بالا توضیح داده شده استفاده نمود و پیک را به طور جداگانه کلیک کرده و در بازه تعیین شده قرار دهید تا سایز آن برای محل مورد نظر مشخص باشد.

۷) در این مرحله پنجره نتایج را ببندید و بر روی گزینه "Save Project" کلیک نمایید.



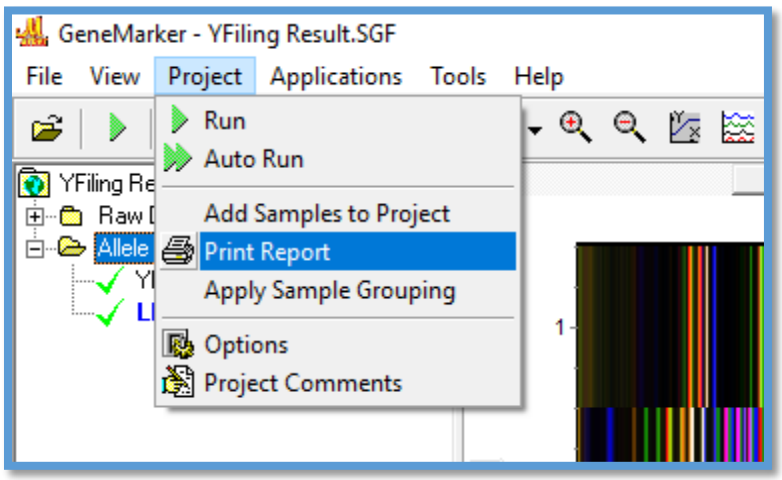
شکل شماره ۵۳: نمایش Report

۸) در قسمت باز شده در کادر "File name" نام مناسب برای فایل خود (به طور مثال YFiling Result) را وارد نموده و Save نمایید.



شکل شماره ۵۴: نمایش File name

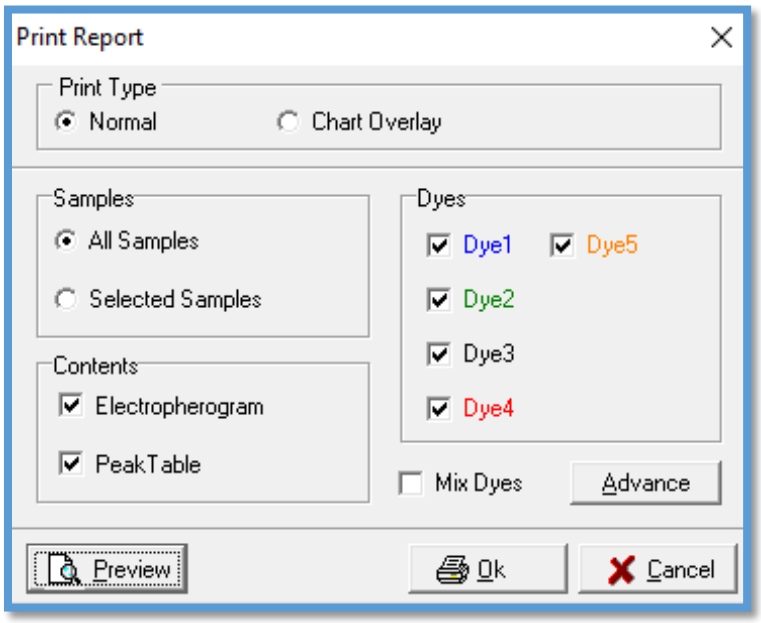
۹) در مرحله نهایی پس از ذخیره پروژه، بر روی گزینه "Project" کلیک کرده و با انتخاب گزینه "Print Report" نتیجه خود را پرینت بگیرید.



شکل شماره ۵۵: نمایش Print Report

۱۰) پس از باز شدن پنجره با توجه به شرایط مورد نیاز گزینه های زیر را تنظیم فرمایید. به طور مثال اگر می خواهید تمامی نمونه ها را با هم پرینت شود تیک گزینه "All Samples" را بزنید.

❖ اگر نرم افزار را به صورت رایگان دانلود کرده اید، جهت گرفتن پرینت گزینه OK را کلیک نکنید و از طریق "Preview" و سپس ذخیره کردن نتیجه، آن را پرینت نمایید.



شکل شماره ۵۶: نمایش قسمت Preview پنجره Print Report

اطلاعات تماس

تهران، خیابان ولیعصر، بالاتر از فاطمی، خیابان مجلسی، پلاک ۴۱، طبقه ۳، شرکت زیست فناوری کوثر

۱۵۹۵۶۴۵۵۱۳

۰۲۱۸۸۹۳۹۱۵۰ - ۸۸۹۳۰۱۴۳-۵

۰۲۱۸۸۹۳۹۱۳۹

kbc@kawsar.ir

kawsar_biotech@yahoo.com