請按F5 進行播放

C2-10 SNP Genotyping 服務 Primer 設計-快速入門

2015.7.30

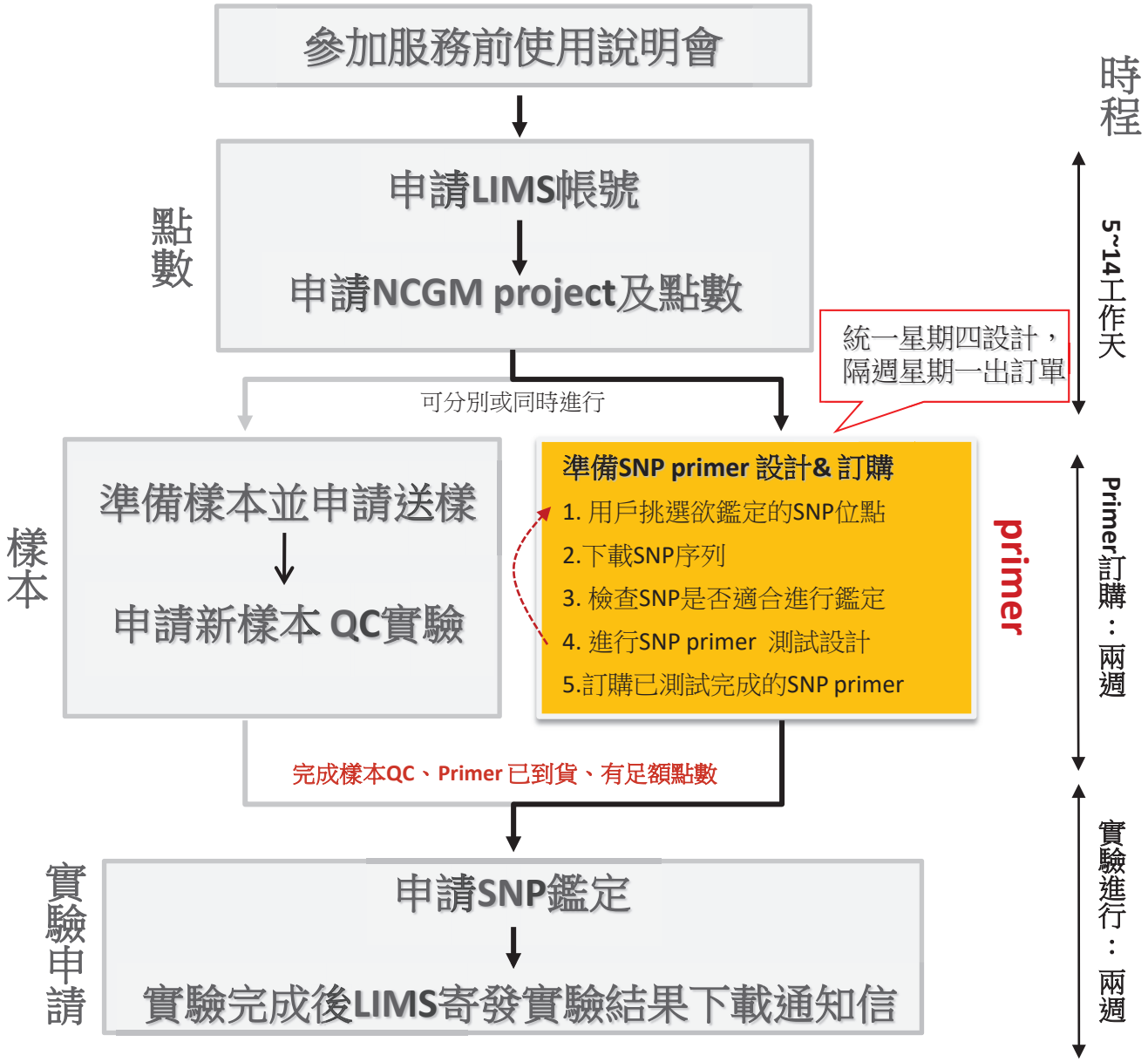
本檔案僅提供簡單的流程說明，詳細的操作說明請參考使用手冊，建議可先閱讀”第0章節-前言”部分。

跳至目錄

準備工作

- NCGM-SNP組SNP鑑定服務係採用美商SEQUENOM MassARRAY® System，此平台可供用戶選擇較彈性的樣本數及任意數目的SNPs申請鑑定實驗。此平台的特點在於可於單一well中進行多個SNPs的鑑定實驗，但哪些SNP可於同一well內進行鑑定實驗以及單一well內最多可進行多少個SNPs，這些都取決於該批SNPs的primer設計結果，而primer設計的結果將決定該批實驗的所需費用(分成幾組反應進行以及總primer費用)。因此當primer設計完畢時，即可進行實驗費用精算，之後便可申請所需點數。申請鑑定實驗及訂購SNP primer時，LIMS系統將會確認該計畫是否有足夠點數之後，方可進行申請動作，故各用戶於SNP鑑定實驗進行前所需準備的前置工作有3項:
- **1. 建立LIMS帳號及申購點數。** **(請參考申請說明)**
- **2. SNP primer設計&訂購。**
- **3. 準備樣本。**

新用戶服務申請流程圖


參加服務前使用說明會
點數
申請LIMS帳號
申請NCGM project及點數
統一星期四設計，
隔週星期一出訂單
可分別或同時進行
樣本
準備樣本並申請送樣
申請新樣本 QC實驗
準備SNP primer 設計& 訂購
1. 用戶挑選欲鑑定的SNP位點
2.下載SNP序列
3. 檢查SNP是否適合進行鑑定
4. 進行SNP primer 測試設計
5.訂購已測試完成的SNP primer
primer
完成樣本QC、Primer 已到貨、有足額點數
實驗申請
申請SNP鑑定
實驗完成後LIMS寄發實驗結果下載通知信
時程
5~14工作天
Primer訂購：兩週
實驗進行：兩週

SNP primer 設計、訂購 流程

1

挑選SNP & 下載序列

使用Genepipe 下載SNP序列，以便設計及檢查之用

2



SNP序列 檢查

檢查SNP是否適用Sequenom平台

3

Primer 測試設計

使用LIMS 的primer Design Test 功能，查看設計後的primer 分組結果，估算所需費用

4

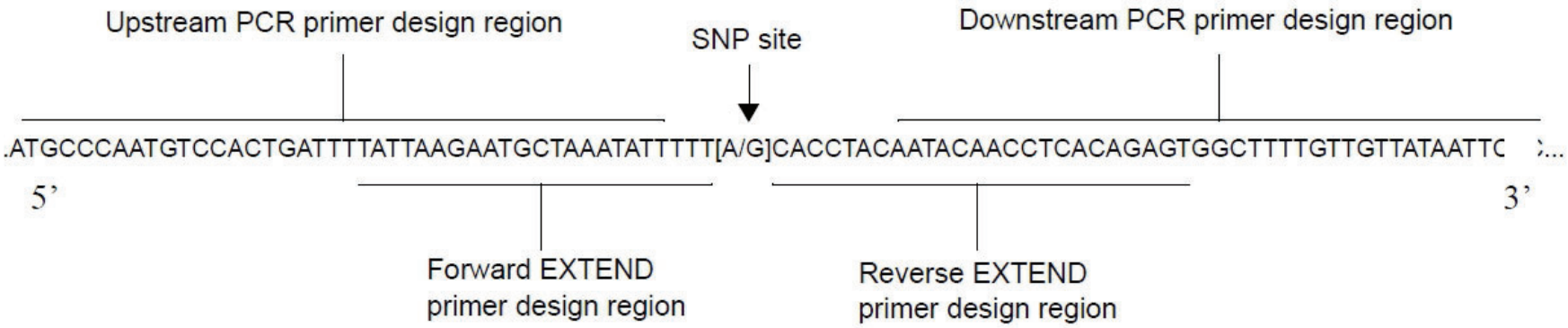
訂購已確認的primer 組合

使用已完成測試設計的SNP序列檔案及參數，於每周四中午前完成訂購申請

網頁超連結

- C-10 使用手冊
- Gene pipe
- 費用估算
- NCGM 首頁
- NCGM-LIMS
- 聯絡SNP組

MySequenom 檢查說明

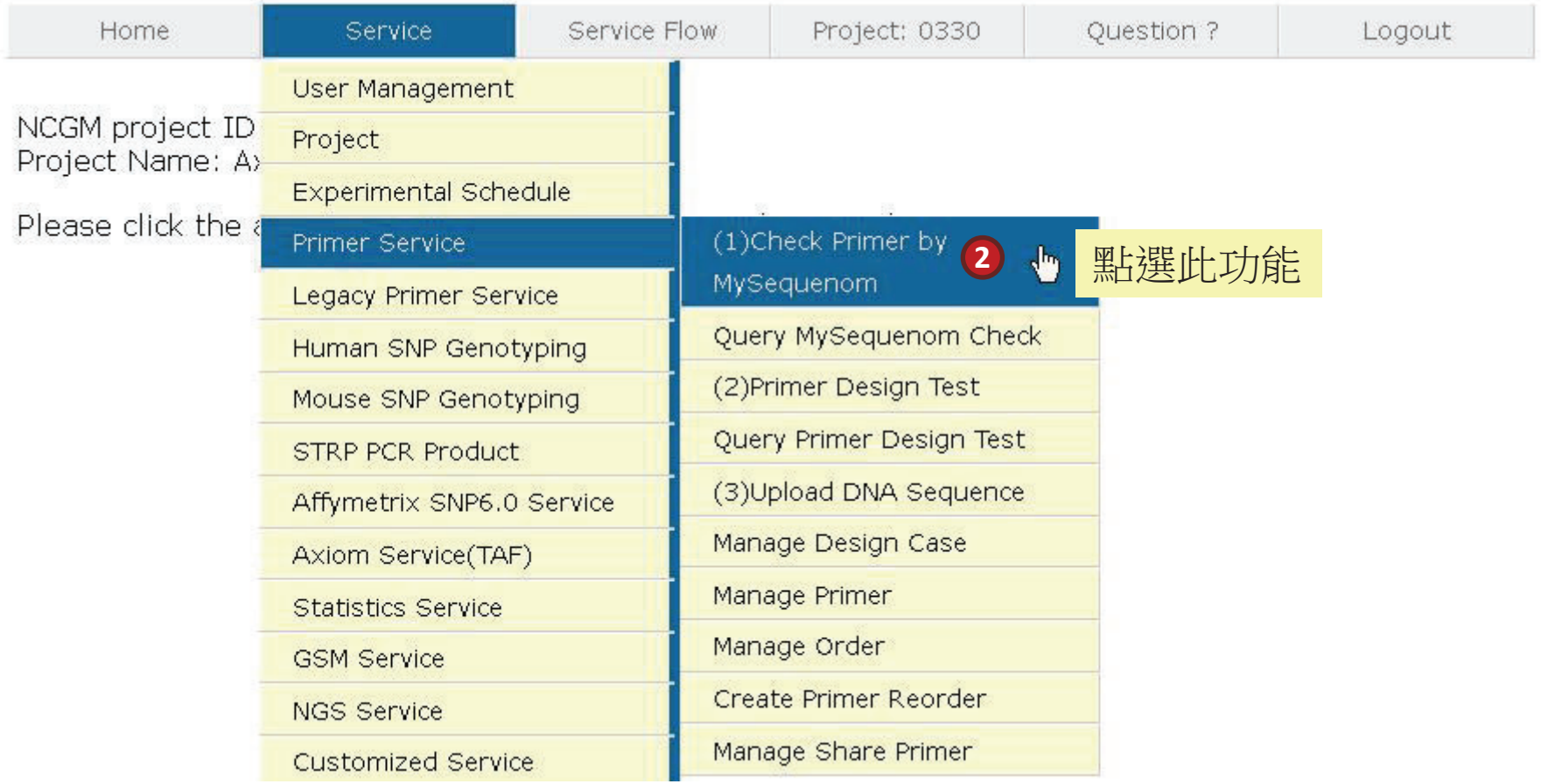


2. SNP檢查

- 若因序列特質(高度重複)，導致無法設計出專一性高的primer，經PCR反應後，則可能產生許多非原本預期的PCR產物，可能會有false positive 的訊號產生，將會造成誤判。因此檢查序列是否能設計出合適的primer 則是實驗前的重要動作。Sequenom官方的MySequenom 網站則提供此項檢查功能(類似UCSC 的In-Silico PCR)，檢查的功能主要是用來**排除預期成功率會偏低或造成誤判的SNP**。

2. SNP檢查

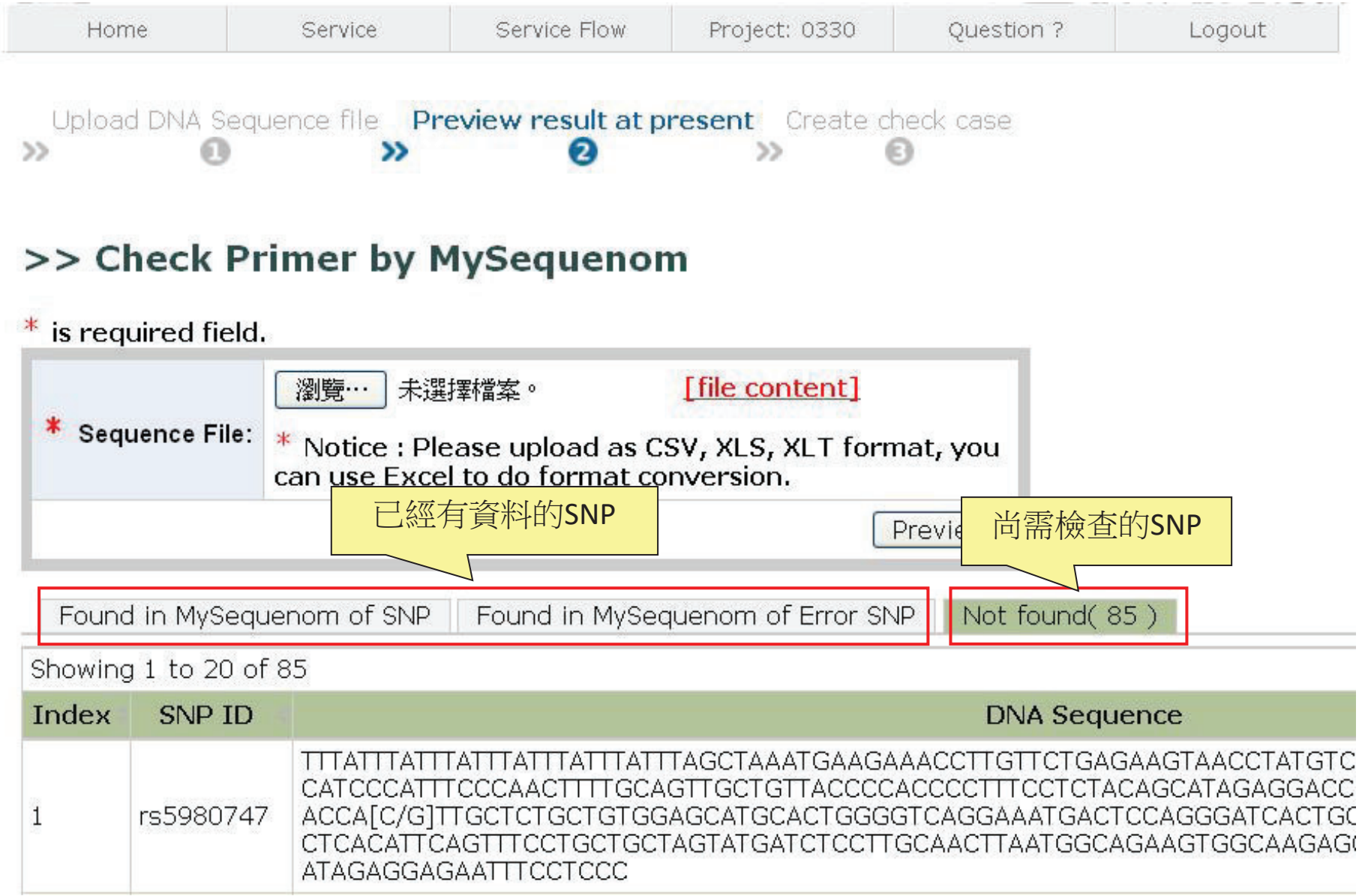
1 ■申請SNP檢查:登入LIMS→選擇Working project →點選Service→Primer Service



2. SNP檢查


Home
Service
Service Flow
Project: 0330
Question ?
Logout
Upload DNA Sequence file
Preview result at present
Create check case
>> Check Primer by MySequenom
* is required field.
1
選擇csv 檔
瀏覽…
未選擇檔案。
[file content]
* Sequence File:
* Notice : Please upload as CSV, XLS, XLT format, you can use Excel to do format conversion.
Preview
2
預覽結果
Found in MySequenom of SNP
Found in MySequenom of Error SNP
Not found

2. SNP檢查


Home
Service
Service Flow
Project: 0330
Question ?
Logout
Upload DNA Sequence file
Preview result at present
Create check case
>> Check Primer by MySequenom
* is required field.
* Sequence File:
瀏覽…
未選擇檔案。
[file content]
* Notice : Please upload as CSV, XLS, XLT format, you can use Excel to do format conversion.
已經有資料的SNP
尚需檢查的SNP
Found in MySequenom of SNP
Found in MySequenom of Error SNP
Not found(85)
Showing 1 to 20 of 85
Index
SNP ID
DNA Sequence
1
rs5980747
TTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAGCTAAATGAAGAAACCTTGTTCTGAGAAGTAACCTATGTC
CATCCCATTTCCCAACTTTTGCAGTTGCTGTTACCCCACCCCTTTCCTCTACAGCATAGAGGACC
ACCA[C/G]TTGCTCTGCTGTGGAGCATGCACTGGGGTCAGGAAATGACTCCAGGGATCACTGC
CTCACATTCAGTTTCCTGCTGCTAGTATGATCTCCTTGCAACTTAATGGCAGAAGTGGCAAGAG
ATAGAGGAGAATTTCCTCCC

2. SNP檢查

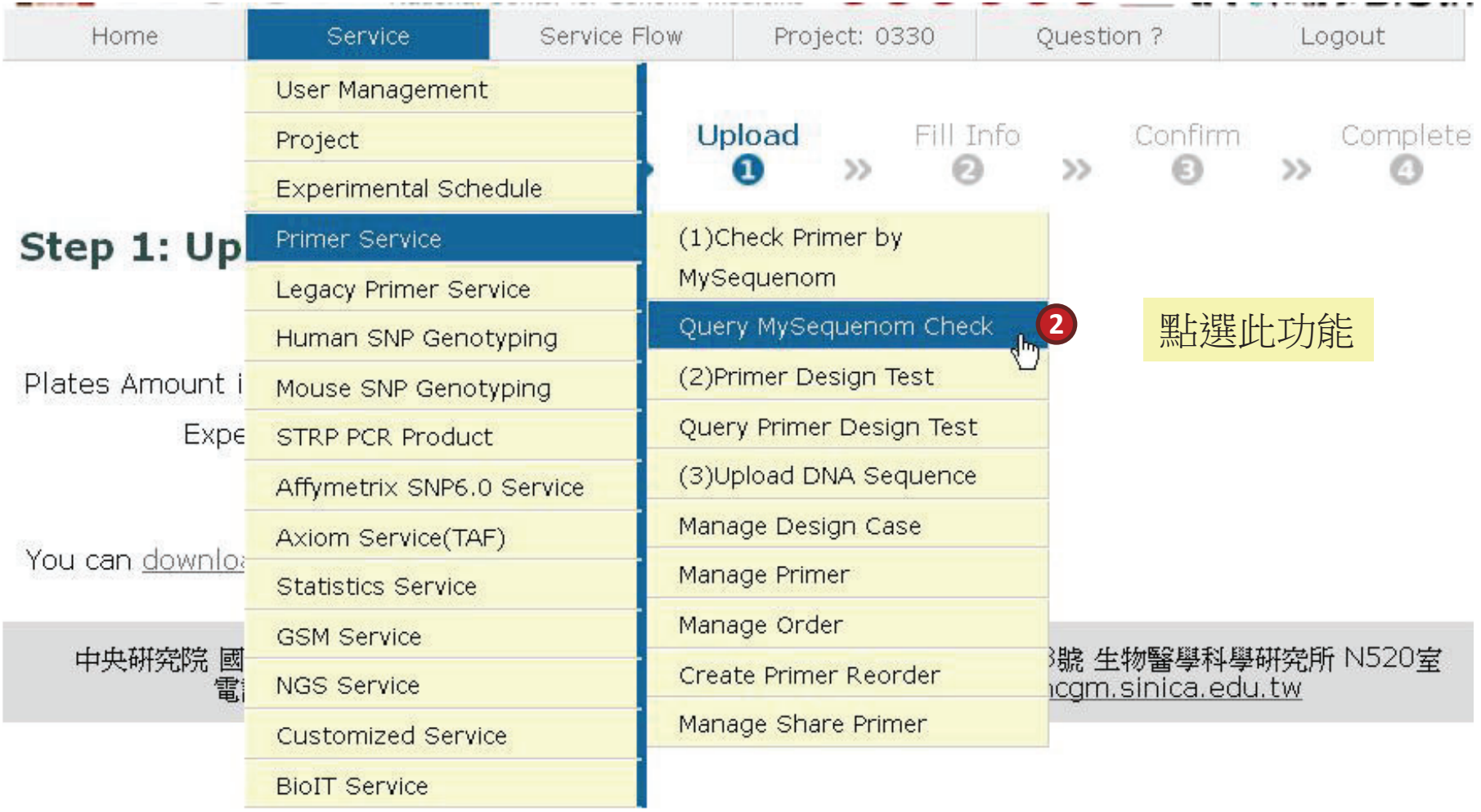
18	rs2299261	CACTAAACATATGGGTTCACAAAAGATGGAGAAAGGCAGAACTGGTCAGCTCCTATTCTAATTCAGGCTTCTCTCTCA CCTGGAAAAC[A/G]TAGAATAATCACAGTTAAAGGGAGCCCAGGGTGGGCAAGGGGGCATTAAGTCAGCACTTGTTG TGGCCCAAACATGTCATATCTCAACAGGATAATCATTACTACTATAGTTCAGGTACCGTATATGCCCGCGTTTAATCCTC TGTTATTTTCCCTAAGTTATAGTT
19	rs3917476	AATCCCCAGGATAGATGCATCCTTTTTTCTTCAGACTTGGAGTGTATGTGTGTGCGGCTCACAGGAAGCTATATATGCC TAAGGAAGCACACAAGGGATGCCTCAAGAGATTTCTGAGTTTCCCAGGTGGGAGCAGTACAGAGAAAAGAACTGAGA CGAGTCTCCCAC[A/C]CACGAGTCTCCCACCTTTGTAGTCGGCTGTATGTGCCGCACAAGTCCAGGGAATGCCTTGG TCCCCTCCCCTACCCCAACTTGGGCTATGGAATGTTGCAGCATCTGTATGGCAACTTCCTTGTCCCTACATTGCTAATT TGAGTTTCCCTTCTCAGAAGGAAACC
20	rs2299262	TTTGGGTTCCAATTTGTGGCCCAAACATGTCATATCTCAACAGGATAATCATTACTACTATAGTTCAGGTACCGTATATG AACACCTCCGTGAGGTGTTATTTTCCCTAAGTTATAGTTGACCAAGATTAAGTGGCTTTCTAAGGCCACAGAGTTATAAA TGGAATT[C/T]AAGTATGAACACAAAGCTCACATTTAGCTCTCTGACCAGGCAAAATCTACAGAGAACACTGCTTAAAA GAAAATTGACCCACCTGTGTTATTATCATCCAACTCATATTTTTTCTACCTCATTTTCAATTTATTAGGAAATATCTTGTCA GTTCTGGGCCTAAGAGA

Create MySequenom Check Case

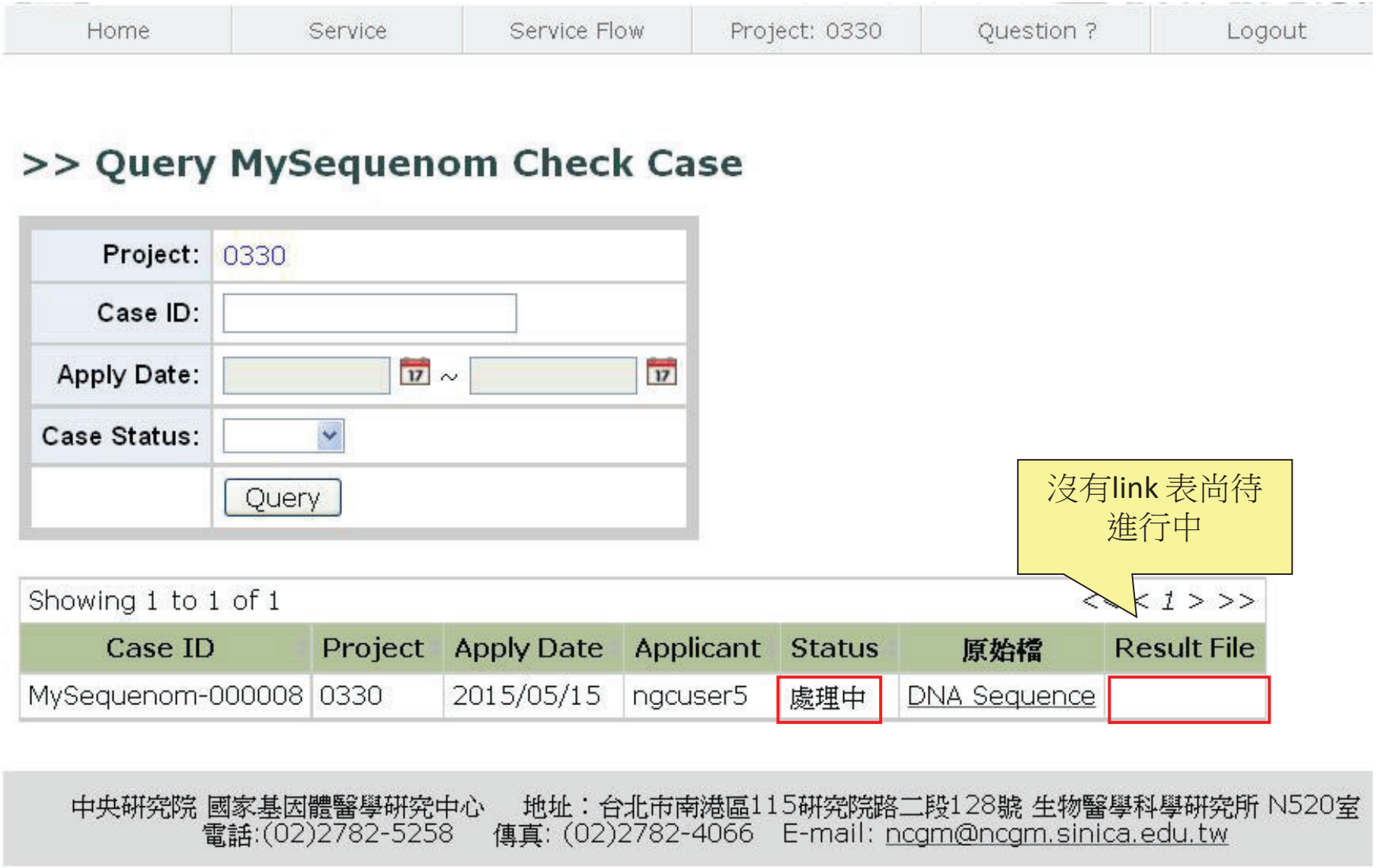
在網頁下方按下此鈕提出檢查申請

2. SNP檢查

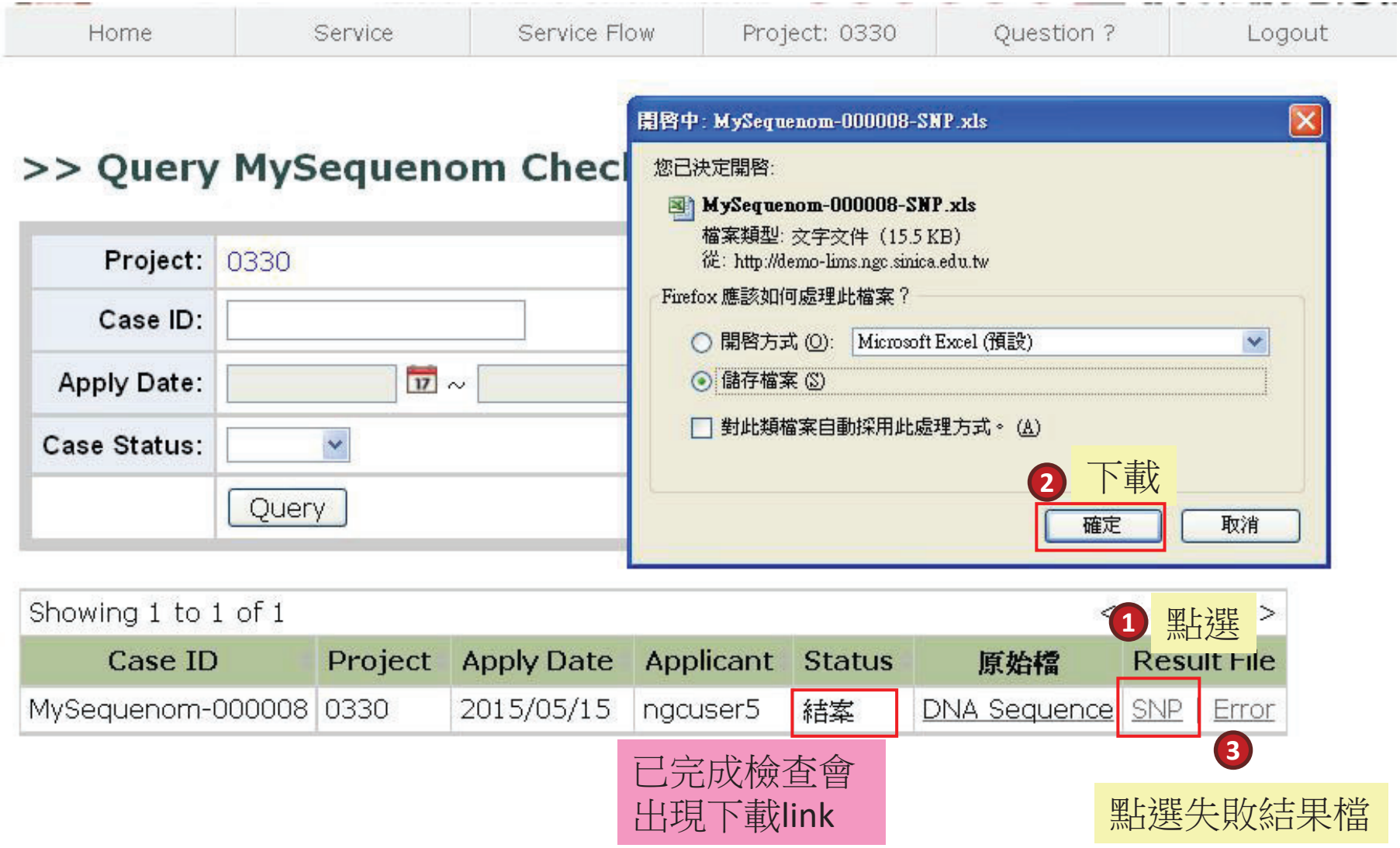
1 ■查看SNP檢查結果:登入LIMS→選擇Working project →點選Service→Primer Service



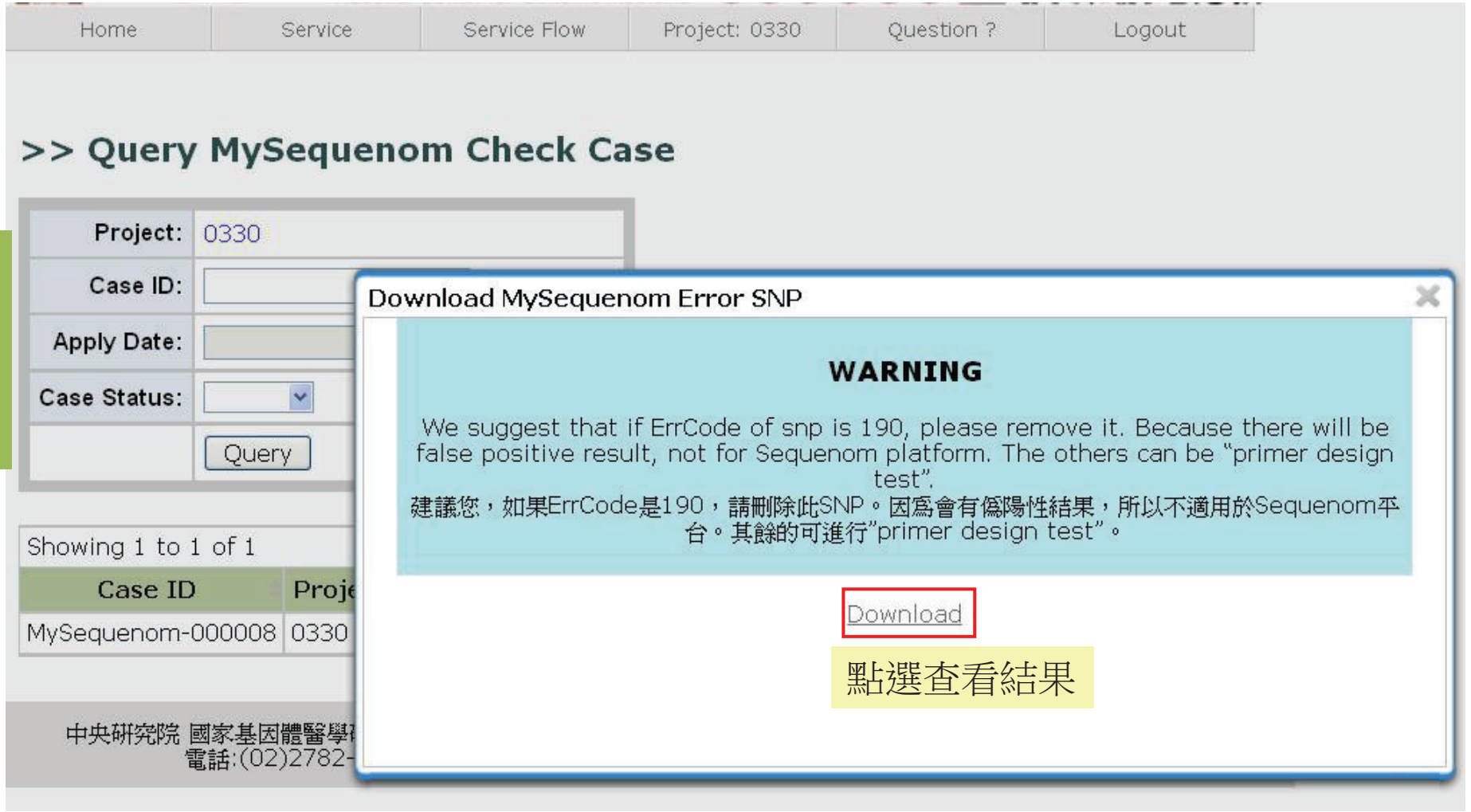
2. SNP檢查


Home
Service
Service Flow
Project: 0330
Question ?
Logout
>> Query MySequenom Check Case
Project: 0330
Case ID:
Apply Date: ~
Case Status:
Query
沒有link 表尚待進行中
Showing 1 to 1 of 1
< 1 > >>
Case ID
Project
Apply Date
Applicant
Status
原始檔
Result File
MySequenom-000008
0330
2015/05/15
ngcuser5
處理中
DNA Sequence
中央研究院 國家基因體醫學研究中心 地址：台北市南港區115研究院路二段128號 生物醫學科學研究所 N520室
電話:(02)2782-5258 傳真: (02)2782-4066 E-mail: ncgm@ncgm.sinica.edu.tw

2. SNP檢查


Home
Service
Service Flow
Project: 0330
Question ?
Logout
>> Query MySequenom Chec
Project: 0330
Case ID:
Apply Date:
Case Status:
Query
開啓中: MySequenom-000008-SNP.xls
您已決定開啓:
MySequenom-000008-SNP.xls
檔案類型: 文字文件 (15.5 KB)
從: http://demo-lims.ngc.sinica.edu.tw
Firefox 應該如何處理此檔案?
開啓方式 (O): Microsoft Excel (預設)
儲存檔案 (S)
對此類檔案自動採用此處理方式。 (A)
2 下載
確定
取消
Showing 1 to 1 of 1
1 點選
Case ID
Project
Apply Date
Applicant
Status
原始檔
Result File
MySequenom-000008
0330
2015/05/15
ngcuser5
結案
DNA Sequence
SNP
Error
3
已完成檢查會出現下載link
點選失敗結果檔

2. SNP檢查


Home
Service
Service Flow
Project: 0330
Question ?
Logout
>> Query MySequenom Check Case
Project: 0330
Case ID:
Apply Date:
Case Status:
Query
Showing 1 to 1 of 1
Case ID
MySequenom-000008
0330
Download MySequenom Error SNP
WARNING
We suggest that if ErrCode of snp is 190, please remove it. Because there will be false positive result, not for Sequenom platform. The others can be "primer design test".
建議您，如果ErrCode是190，請刪除此SNP。因爲會有僞陽性結果，所以不適用於Sequenom平台。其餘的可進行"primer design test"。
Download
點選查看結果
中央研究院 國家基因體醫學
電話:(02)2782-

MySequenom 檢查結果欄位說明

2. SNP檢查

欄位名稱	涵義說明
SNP_ID	上傳檔案中的SNP名稱
H.TRUE	此數值指的是設計完成的PCR primer 於genome中可以夾出的PCR產物數量，且PCR 產物包含有可被 extension probe 黏合的有效序列，合理的檢查值應為1，大於1表示可能會有錯誤實驗結果產生。
H.FALSE	此數值指的是設計完成的PCR primer 於genome中可以夾出的PCR產物數量，且PCR產物包含有可被 extension probe 黏合的無效序列。合理的檢查值應為0，大於0表示有錯誤的結果產生。
H.NULL	此數值指的是設計完成的PCR primer 於genome中可以夾出的PCR產物數量，但PCR產物並不含有可被 extension probe 黏合的序列。理想的檢查值應為0，大於0則可能降低反應效率，但不影響實驗正確性。
H.PCR2	在genome中upstream primer 可黏合的位置數。
H.PCR1	在genome中downstream primer 可黏合的位置數。 當H.PCR 1或2的數值遠大於100，則此現象可能會嚴重降低此SNP的表現。
CONF	此SNP執行於Sequenom平台的信心指數。此數值僅考慮uniplex的下所估算的結果。

MySequenom SNP分析案例

2. SNP檢查

產生正確訊號的 PCR pimer target

不會產生正確訊號的 PCR pimer target

PCR pimer target

該SNP於Sequenom平台的適用指數。

SNP_ID	H.TRUE	H.FALSE	H.NULL	H.PCR2	H.PCR1	CONF	實驗平均成功率
rs7400583	1	0	21	151	11989	0.22	0
rs261253	1	0	2	34	2210	0.56	70
rs316401	1	0	0	71	40	0.92	99

因為primer 專一性不佳，不應該進行鑑定的SNP

一般正常的檢查結果

MySequenom 檢查結果說明：

1.建議刪除 error code 190 及 H.FALSE檢查值>0的SNP，再進入下一步的primer design test，因為即使可以成功設計primer，也極可能是False positive的結果。

2.檢查結果僅是以uni-plex 狀況下進行理論計算所得的結果，未考慮 multi-plex的情況。因此也會發生 CONF 數值正常，實驗成功率缺偏低的現象，這有可能是multi-plex情況下其他primer干擾所造成的結果。

SNP primer 設計、訂購 流程

1

挑選SNP & 下載序列

使用Genepipe 下載SNP序列，以便設計及檢查之用

2



SNP序列 檢查

檢查SNP是否適用Sequenom平台

3

Primer 測試設計

使用LIMS 的primer Design Test 功能，查看設計後的primer 分組結果，估算所需費用

4

訂購已確認的primer 組合

使用已完成測試設計的SNP序列檔案及參數，於每周四中午前完成訂購申請

網頁超連結

- C-10 使用手冊
- Gene pipe
- 費用估算
- NCGM 首頁
- NCGM-LIMS
- 聯絡SNP組

選擇working project

NCGM以四位數的NGC PID作為您申請基因型鑑定服務時的代號，包括樣本盤號及實驗結果檔案等的命名均以此四位數PID為依據 ，在您登入系統後，請務必確認並正確點選您欲進行實驗的NCGM Project 作為您的 “Working Project”，再繼續進行專屬該Project的服務申請或資料查詢等動作

3. 測試設計

前往 NCGM -LIMS



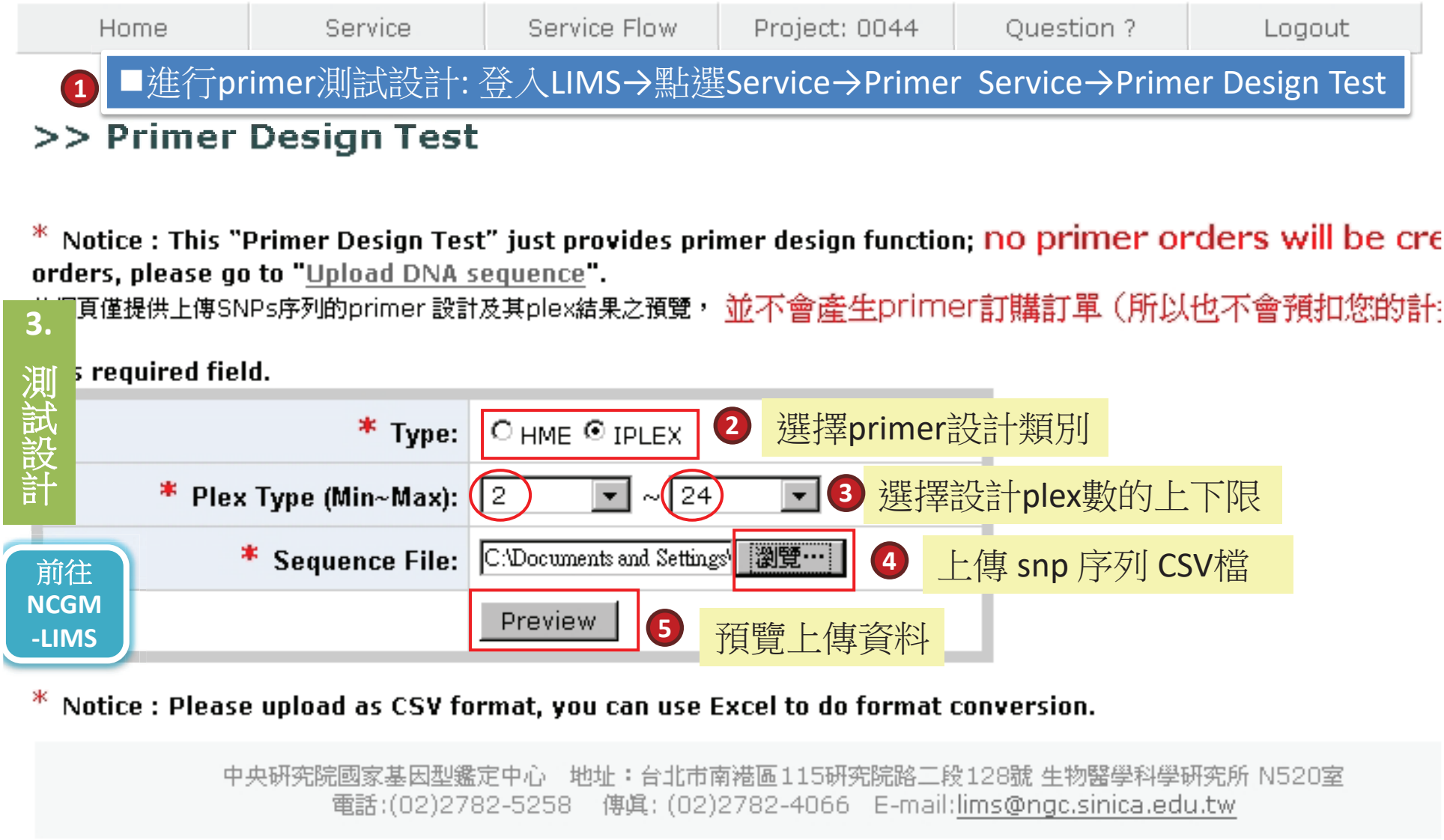
選擇working project

NCGM以四位數的NGC PID作為您申請基因型鑑定服務時的代號，包括樣本盤號及實驗結果檔案等的命名均以此四位數PID為依據 ，在您登入系統後，請務必確認並正確點選您欲進行實驗的NCGM Project 作為您的 “Working Project”，再繼續進行專屬該Project的服務申請或資料查詢等動作

3. 測試設計

前往 NCGM -LIMS




Home
Service
Service Flow
Project: 0044
Question ?
Logout
1
■進行primer測試設計: 登入LIMS→點選Service→Primer Service→Primer Design Test
>> Primer Design Test
* Notice : This "Primer Design Test" just provides primer design function; no primer orders will be cre
orders, please go to "Upload DNA sequence".
頁僅提供上傳SNPs序列的primer 設計及其plex結果之預覽， 並不會產生primer訂購訂單（所以也不會預扣您的計
s required field.
3. 測試設計
* Type:
HME
IPLEX
2
選擇primer設計類別
* Plex Type (Min~Max):
2
~
24
3
選擇設計plex數的上下限
* Sequence File:
C:\Documents and Settings\
瀏覽...
4
上傳 snp 序列 CSV檔
Preview
5
預覽上傳資料
前往 NCGM -LIMS
* Notice : Please upload as CSV format, you can use Excel to do format conversion.
中央研究院國家基因型鑑定中心 地址：台北市南港區115研究院路二段128號 生物醫學科學研究所 N520室
電話:(02)2782-5258 傳真: (02)2782-4066 E-mail:lims@ngc.sinica.edu.tw

Plex Type 上下限說明

【iPLEX】

plex 上限選擇為 1~12plex時，採用iplex 低plex的設計參數。

plex 上限選擇為13~24plex時，採用iplex中plex的設計參數。

plex 上限選擇為25~36plex時，採用iplex高plex的設計參數。

3. 測試設計

這些plex參數的改變，會影響設計軟體其他參數的上下限設定，進而影響SNP primer的理論成功率高低，就理論上，低plex的設計參數相對嚴謹，而高plex的設計參數相對寬鬆，但不代表高plex的設計出來的primer 成功率一定會比低plex的設計參數來的低，成功率還是由實際的實驗結果才能決定，且plex 數的選擇尚得由分組結果考量所需經費。一般而言，當設計結果的組數相同時，會建議採用較低的plex上限，如欲設計36 SNPs，採用iplex高plex的設計參數設計後，分成30-plex+6-plex的組合，而採用iplex中plex的設計參數設計後，分成24-plex+12-plex的組合，兩者的分組組數相同(皆為兩組)，則所需的實驗費用相等，但採用中plex的設計參數可以降低同一well 內鑑定的SNP數，可以降低 primer 互相干擾的可能性，理論上可以提高成功率及正確性。 此外，設定plex下限可用於限制並排除過低plex數的assay組合，例如：排除低1~3-plex等低plex 組合。

另外，**改變CSV檔的SNP順序，設計結果可能會有不同的assay 組合出現**。



>> Preview Primer Design Job

Type:	IPLEX
Plex Type:	2 ~ 24
Sequence File:	FY_12SNP

Confirm

3. 測試設計

確認無誤後，按下確認，即完成測試，設計完畢系統會自動寄發設計完成通知信。

te : The processing time may vary dependi

.	SNP_ID	DNA SEQUENCE
	rs12685495	AGCGTGGAACTGAGGAGGGGATGTGGAGTGTTCACAGAGCAGCAAGCCGT...
	rs16937950	CCCAACATATGTAATTGATTTTTTTAAATGTGAATTTATCGCCTTTATTT...
3	rs17039799	TGAGATCGCATGGCTGCACTCCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGAGTCCATC...
4	rs6585304	ATTGATCAAGCCTTGCAACCTTCCCTGCAAGTCCCTGGCTCTCTGCTTCC...
5	rs7018818	TATGCATCAAACTACCATGGTATATATTTACCTATGTAACAAACCTGCAC...
6	rs4486537	TTTGGGAGAAAGGACAGCTTGCATTTACTTAATCATGTCCCAGGCAATGC...
7	rs10829757	ACGAGGAGGTGGAGGCAGCTGTGGCATCCTGGGCTTGCTGCAGTGTCCCT...
8	rs904664	GTGACCTGTCCACTCCGTCCACACTGATACTTTTGCCAGATCTGCCGAAC...
9	rs17109718	AATCATGACTTCTGCCTGCCAAATAAAGCGTAAGGTCCTTCTTCAAGTTT...
10	rs588109	TGTTGCTCTAGACCTCTGACCACAGCAGCCAAGAGCCCACAGAACTAGTA...
11	rs1900111	AGTAGCTGCTCGAAAATCACATTTCTATGAGGTGTCCCTCTAACTGTCCT...

注意：可使用**Primer** 設計結果來估算所需費用，對設計結果有任何問題，歡迎來電詢問。**TEL:02-27825258分機4337**

Primer 測試設計完成後

3. 測試設計

- 查看設計結果是否滿足需求:分成幾組、幾plex、是否有SNP 設計失敗，若不滿意設計結果，看看是否有其他的取代的SNP點，再重新抓取序列，檢查是否適合Sequenom 平台鑑定，最後再重新設計直至設計結果符合需求。
- 依據測試設計結果的分組數據精算實驗費用，再進行點數申購。

■查看設計結果: 登入LIMS→點選Service→Primer Service→Query Primer Design Test

Showing 121 to 121 of 121 <<< 1 2 3 4 5 6 7 > >>

ID	User	Project	Status	Type	Plex Type	Apply Date	Sequence File	Design Result File	Finished Date	Cost/Plate
2531	林泉成	9999	FINISHED	IPLEX	1~36	2012/05/17 11:20	45 SNP sample ID.csv	45 SNP sample ID.xls 45 SNP sample ID.trs 45 SNP sample ID-x.txt	2012/05/17 11:22	37,616

1

2

設計結果 ，請參考"使用手冊"第31頁

3. 測試設計

SNP primer 分群及費用明細

本次成功設計：42 SNP
單盤實驗鑑定費用(學術界)：$37,616元

Well Group	Plex	SNP	Cost	Cost/Per SNP
W1	28	rs1360288,rs733164,rs1490413,rs737681,rs1028528,rs2046361, rs729172,rs1357617,rs717302,rs1005533,rs354439,rs873196, rs876724,rs1031825,rs2076848,rs2830795,rs1335873,rs1493232, rs722098,rs2040411,rs740910,rs901398,rs2107612,rs10495407, rs1454361,rs1528460,rs8037429,rs1024116	17,858	637
W2	11	rs964681,rs251934,rs914165,rs2056277,rs1463729,rs907100, rs1015250,rs891700,rs1979255,rs727811,rs763869	11,399	1,036
W3	3	rs1413212,rs1382387,rs826472	8,359	2,786

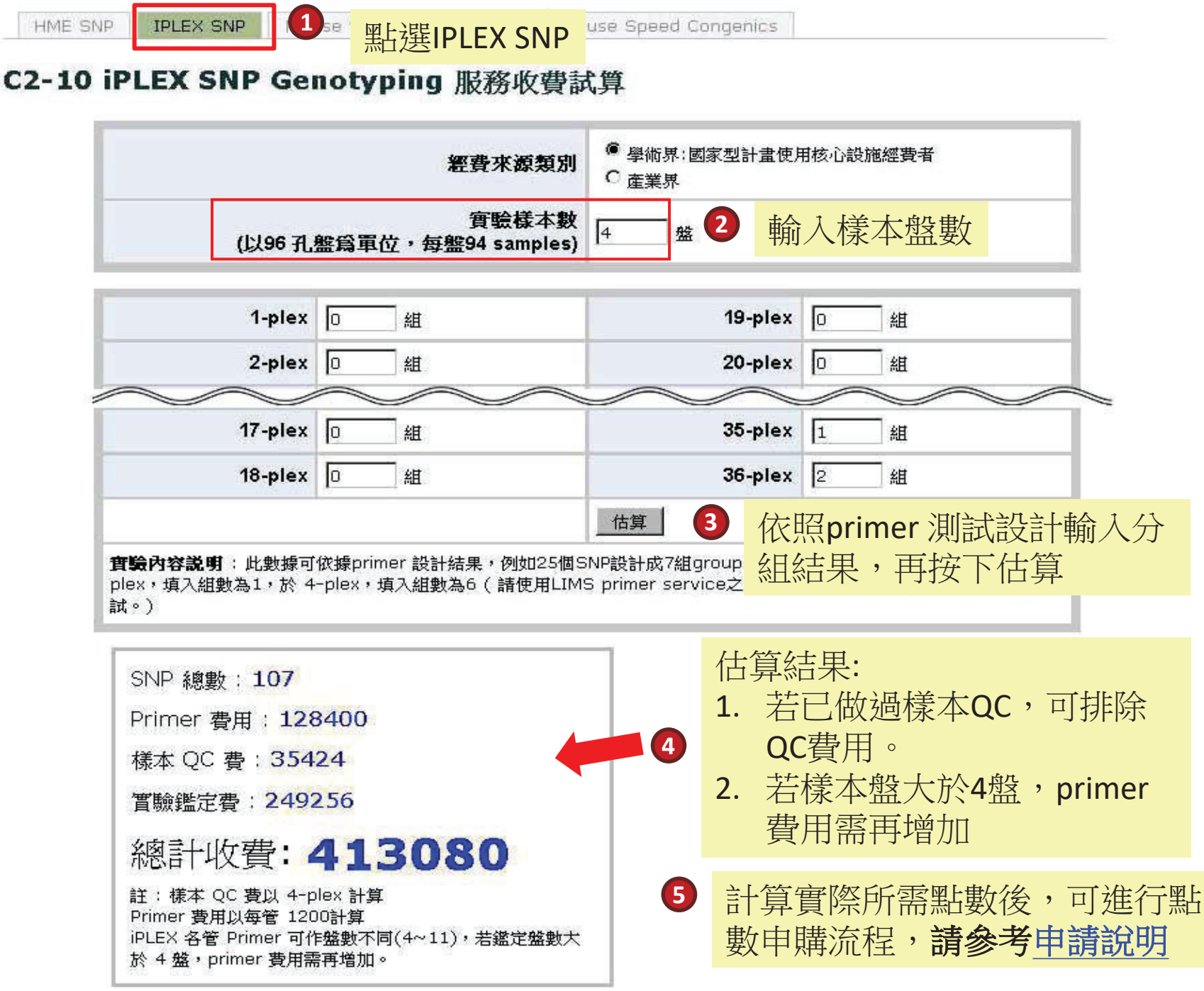
注意：請自行評估低plex group SNPprimer訂購的必要性。

3 收費試算網頁

« Back

3. 費用試算

前往 NCGM 首頁



SNP primer 設計、訂購 流程

1

挑選SNP & 下載序列

使用Genepipe 下載SNP序列，以便設計及檢查之用

2



SNP序列 檢查

檢查SNP是否適用Sequenom平台

3

Primer 測試設計

使用LIMS 的primer Design Test 功能，查看設計後的primer 分組結果，估算所需費用

4

訂購已確認的primer 組合

使用已完成測試設計的SNP序列檔案及參數，於每周四中午前完成訂購申請

網頁超連結

- C-10 使用手冊
- Gene pipe
- 費用估算
- NCGM 首頁
- NCGM-LIMS
- 聯絡SNP組

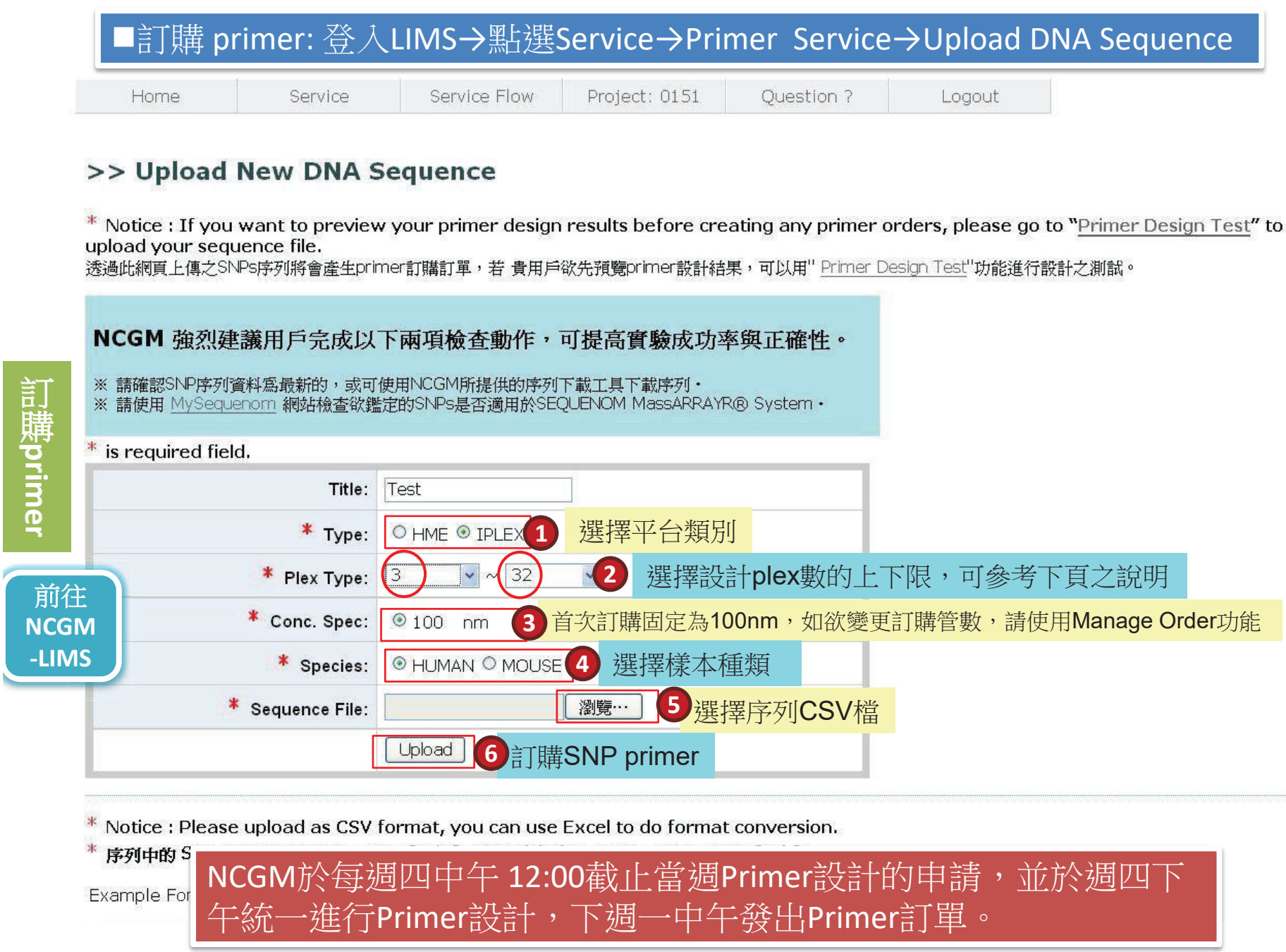
4. 訂購primer

- 訂購SNP primer前必須先完成MySequenom 檢查，若系統中沒有該SNP的檢查資料，將無法進行訂購。
- 建議訂購前，請先進行primer Design Test確認設計結果是否合乎貴單位之需求，低plex 數的實驗費用相對較貴(以SNP /sample而言)，請評估低plex group 的必要性。
- 若Primer Design Test 的測試結果滿足貴單位的需求，欲訂購該次設計結果的SNP primer組合。則訂購時，請上傳該次的序列檔與設計參數，請勿變更設計參數及上傳序列，否則設計結果可能會有所不同。
- 初次訂購的SNP primer 預設管數為1，如欲變更訂購管數，請使用Manage Order功能。
- 若對Primer 設計有任何疑問，歡迎來電詢問
  TEL:02-27825258 分機 4337 SNP組

■訂購 primer: 登入LIMS→點選Service→Primer Service→Upload DNA Sequence

訂購primer

前往 NCGM -LIMS



NCGM於每週四中午 12:00截止當週Primer設計的申請，並於週四下午統一進行Primer設計，下週一中午發出Primer訂單。

Plex Type 上下限說明

【iPLEX】

plex 上限選擇為 1~12plex時，採用iplex 低plex的設計參數。

plex 上限選擇為13~24plex時，採用iplex中plex的設計參數。

plex 上限選擇為25~36plex時，採用iplex高plex的設計參數。

4. 訂購primer

這些plex參數的改變，會影響設計軟體其他參數的上下限設定，進而影響SNP primer的理論成功率高低，就理論上，低plex的設計參數相對嚴謹，而高plex的設計參數相對寬鬆，但不代表高plex的設計出來的primer 成功率一定會比低plex的設計參數來的低，成功率還是由實際的實驗結果才能決定，且plex 數的選擇尚得由分組結果考量所需經費。一般而言，當設計結果的組數相同時，會建議採用較低的plex上限，如欲設計36 SNPs，採用iplex高plex的設計參數設計後，分成30-plex+6-plex的組合，而採用iplex中plex的設計參數設計後，分成24-plex+12-plex的組合，兩者的分組組數相同(皆為兩組)，則所需的實驗費用相等，但採用中plex的設計參數可以降低同一well 內鑑定的SNP數，可以降低 primer 互相干擾的可能性，理論上可以提高成功率及正確性。 此外，設定plex下限可用於限制並排除過低plex數的assay組合，例如：排除低1~3-plex等低plex 組合。

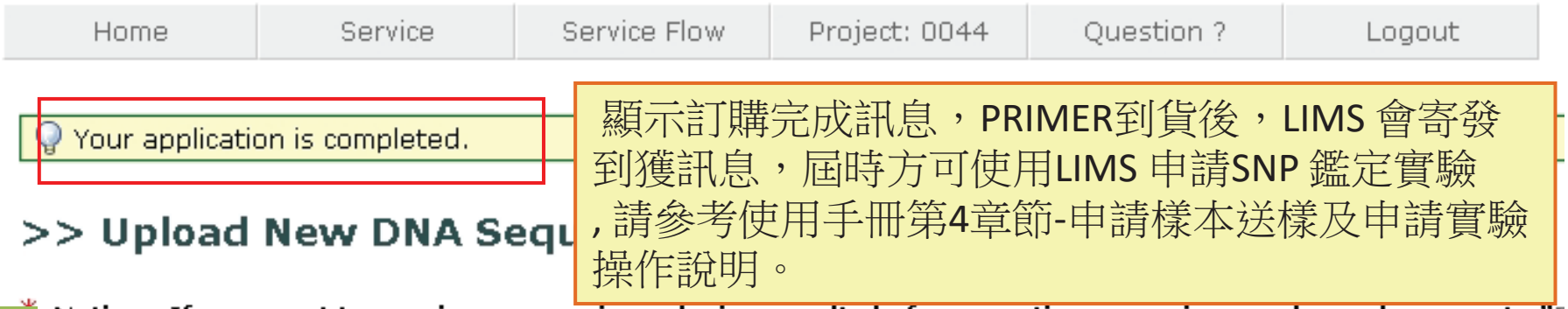
另外，**改變CSV檔的SNP順序，設計結果可能會有與原本的測試結果不同。**

可用盤數說明

[iPLEX]

由於MALDI-TOF儀器特性，導致primer消耗量不一致，但實驗前無法得知哪些SNP primer 需要加倍使用，因此LIMS會先將所有primer以兩倍使用量來計算可用盤數，當實驗完成後，系統會扣除實際使用量後，再以現有剩餘體積換算可用盤數，因此若要節省primer 費用可分次申請實驗。

UEP分子量 (M.W.)	25nm規格可使用盤數(僅於續訂時提供)	100nm規格可使用盤數（首次與續訂皆可）	使用次數的限制與保存期限
小於 5475	4~8	11~22	次數不限/三年
大於等於5475但小於6650	3~6	7~14	次數不限/三年
大於等於6650但小於7750	2~4	6~12	次數不限/三年
大於等於7750	1~2	4~8	次數不限/三年



顯示訂購完成訊息，PRIMER到貨後，LIMS 會寄發到獲訊息，屆時方可使用LIMS 申請SNP 鑑定實驗，請參考使用手冊第4章節-申請樣本送樣及申請實驗操作說明。

4. 訂購primer

SNP primer 設計、訂購 流程

1

挑選SNP & 下載序列

使用Genepipe 下載SNP序列，以便設計及檢查之用

2



SNP序列 檢查

檢查SNP是否適用Sequenom平台

3

Primer 測試設計

使用LIMS 的primer Design Test 功能，查看設計後的primer 分組結果，估算所需費用

4

訂購已確認的primer 組合

使用已完成測試設計的SNP序列檔案及參數，於每周四中午前完成訂購申請

網頁超連結

- C-10 使用手冊
- Gene pipe
- 費用估算
- NCGM 首頁
- NCGM-LIMS
- 聯絡SNP組