

# 4150/4200 TapeStation Analysis Software

## 簡易マニュアル\_3.2以降

ver. 3.0\_2019.11

ご注意) 本マニュアルに記載した内容は予告なしに変更することがあります  
最新版は巻末のサポートページからダウンロードしてください



### 目次



#### データの表示

データを開く	2
Homeタブの構成	3
データの並べ替え	5
アイコンの説明	6

#### データ解析

Electropherogramの表示	8
Ladderの設定	9
ピークの編集	10
Regionの設定	11
Peak/Sample Tableの編集	12
Comparison fileの作成 (Electropherogramの重ねがき)	13
DNA	14
Genomic DNAのみの機能	15
Cell-free DNAのみの機能	17
RNA	18

データ出力	20
-------	----

レポート作成	20
--------	----

トラブルシューティング	21
-------------	----

ログファイルの作成	24
-----------	----

#### Ver3.0 2019.11での主な変更点

revision3.2に対応しました。

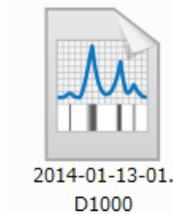
Cell-free DNAの項目を追記しました。

2200 TapeStationの項目を削除しました。

## データの表示

### データを開く

- データをダブルクリックすると開きます。



デフォルト設定ではデータはMy Documents>Agilent>TapeStation Data>日付毎のフォルダに保存されます。

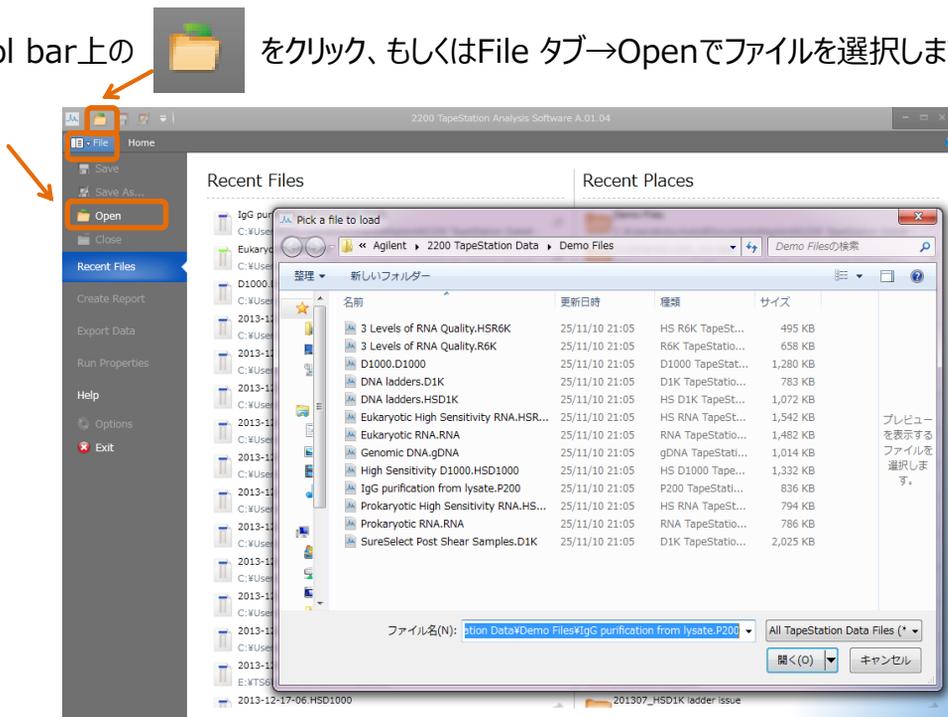
データファイルの拡張子はアッセイ名です。

例) D1000データ → 2014-01-13-01.D1000

- または、デスクトップ上のアイコンをダブルクリックしソフトウェアを起動します

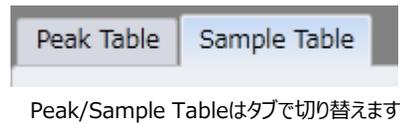


Tool bar上の  をクリック、もしくはFile タブ→Openでファイルを選択します。



Homeタブの構成

- Ribbon: 操作アイコンが表示されます。表示されるアイコンはAssayにより異なります。
- Sample Information: データファイル名、サンプルウェル、サンプル名が表示されます。
- Gel Image: Markerで補正されたゲル画像が表示されます。  
Lower Markerは緑、Upper Markerは紫のバンドで示されます。  
Alertがある場合はレーン上部、DIN/%cfDNA/RIN<sup>®</sup>はレーン下部に表示されます。
- Peak Table: 選択したサンプルの各ピークのサイズや濃度等が表示されます。  
表示される項目はアッセイにより異なります。
- Sample Table: 全サンプルの濃度等が表示されます。  
表示される項目はアッセイにより異なります。



The screenshot shows the software interface with the following components:

- Ribbon:** A top toolbar with icons for Gel, Electropherogram, Region, Aligned, Scale to MW Range, Scale to Sample, Snaps, Reset Zoom, Assign, Insert, Remove, Detection Settings, Restore Default Settings, Edit Peaks, and Region Settings.
- Sample information:** A panel on the left showing a plate selector for 'Genomic DNA.gDNA' with wells A-G and 1-2.
- Gel image:** A central gel electrophoresis image with lanes A1(L) through D2. A vertical scale on the left ranges from 100 to 48,500 bp. A horizontal green line is at 100 bp. Below the gel, a row of colored boxes contains DIN values for each lane.
- Peak table:** A table below the gel image showing peak data for the selected sample.
- Sample table:** A table at the bottom showing concentration data for all samples.

Lane	DIN
A1(L)	9.8
B1	8.2
C1	8.0
D1	6.8
E1	5.5
F1	4.4
G1	8.4
H1	6.2
A2	6.1
B2	6.0
C2	5.8
D2	2.7
E2	7.5
F2	6.9
G2	6.0

Size [bp]	Conc. [ng/μ]	% Integrate	From [bp]	To [bp]	Peak Comment
100	(8.50)	-	62	157	
250	7.33	7.13	166	318	
400	7.85	7.63	318	498	

Sample Name	Concentration [ng/μ]
D1: Human gDNA (1 min fragmented)	
E1: Human gDNA (3 min fragmented)	
F1: Human gDNA (5 min fragmented)	
G1: Human gDNA (8 min fragmented)	
H1: Human gDNA (blood)	
A2: Human gDNA (blood)	
B2: Pork gDNA	
C2: Chicken gDNA	
D2: T. alba gDNA	
E2: Lake trout gDNA	
F2: Beef gDNA	
G2: Human Placenta gDNA	

## 4200TapeStationで複数のScreenTapeで泳動した場合



Tape毎にデータを表示することができます。  
Plate Selector右のTapeの絵をクリックしてください。

Size [bp]	Conc. [ng/μl]	Peak Molarity [nmol/l]	% Integrated Area	Peak Comment	Observations
25	6.34	390	-		Lower Marker
50	2.60	80.0	11.24		
100	2.88	44.3	12.45		
200	2.95	22.7	12.76		
300	2.80	14.3	12.08		
400	2.80	10.8	12.08		

例) ScreenTape1枚目のデータ

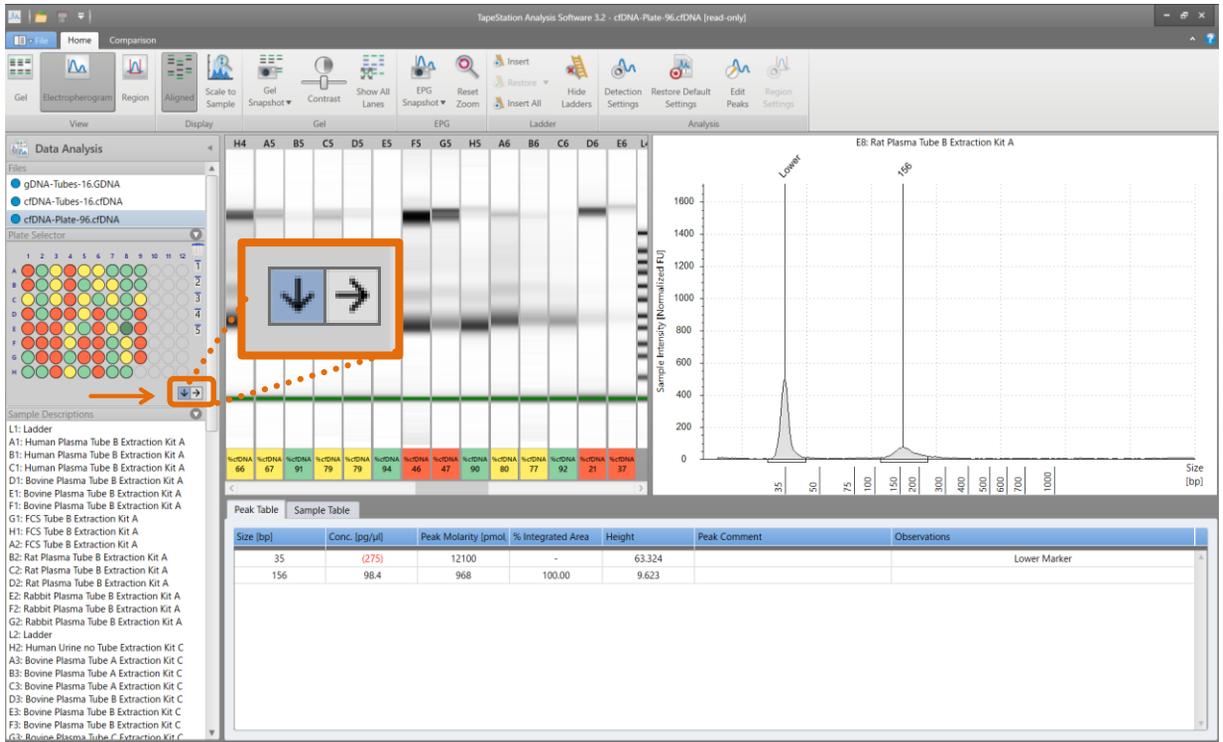
Size [bp]	Conc. [ng/μl]	Peak Molarity [nmol]	% Integrated Area	Peak Comment	Observation
25	6.74	415	-		
143	9.36	41.9	100.00		
1500	(6.50)	6.67	-		

例) ScreenTape2枚目のデータ

Size [bp]	Conc. [ng/μl]	Peak Molarity [nmol]	% Integrated Area	Peak Comment	Observations
25	6.11	376	-		Lower Marker
1500	(6.50)	6.67	-		Upper Marker

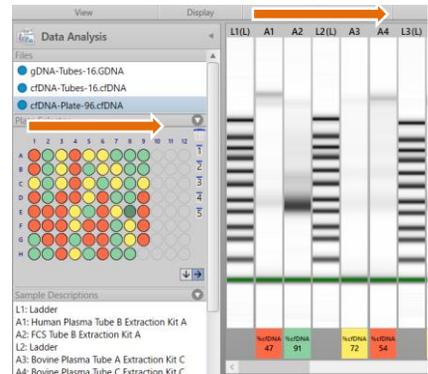
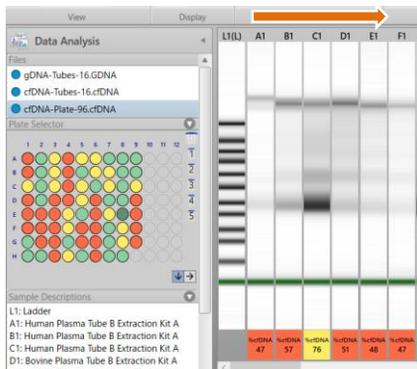
データの並べ替え

データの表示をColumn/Row方向で変更ができます。



↓ Column (縦) 方向  
A1, B1, C1 … A2, B2, C2 …の並びになります。

→ Row (横) 方向  
A1, A2, A3 … B1, B2, B3 …の並びになります。



## Ribbonアイコン

アッセイにより表示アイコンが異なります。  
P6-7に記載のないアイコンについてはp15以降のアッセイ別の項目をご参照ください。



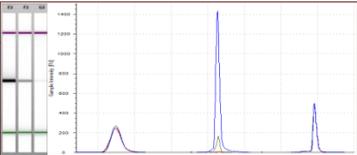
### View

- 1  ゲル画像のみ表示
- 2  ElectropherogramとGel-imageを表示
- 3  Region Assayを行う (p11参照) ElectropherogramとGel-imageを表示

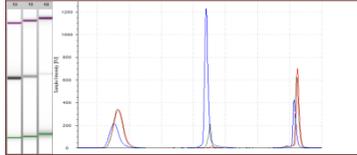
### Display

- 4  サイズ・シグナル強度のMarker補正を行う \*デフォルトではON
 

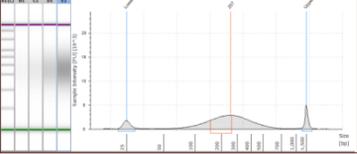
Aligned ON



Aligned OFF

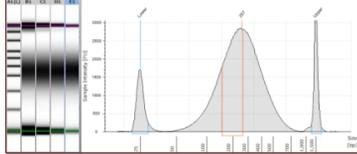

- 5  スケールをサンプルごとに合わせる OFFの場合はアッセイの中で最も高いシグナルに全てのサンプルでスケールが揃う \*デフォルト設定はアッセイ等により異なる
 

Scale to Sample OFF



サンプル間でゲルイメージを比較したい場合

Scale to Sample ON



シグナルが弱いレーンも明確に表示したい場合

### Gel

- 6  ゲル画像のコピー
- 7  ゲル画像のコントラスト調整
- 8  全てのレーンを表示

### EPG (Electropherogram)

- 9  EPGのコピー
- 10  拡大のリセット 拡大方法はp10参照

## Analysis

### 11 Ladderの設定 (詳細はp9参照)

#### Tape1枚の場合



**Assign:** 8連チューブA1以外にLadderをセットした場合に使用します。  
(A1にLadderを泳動した場合は自動でアサインされます。)

**Insert:** Electronic ladder (ソフトウェアに保存されたLadder) データを挿入します。  
(Genomic DNA、D5000、High Sensitivity D5000では使用できません。)

**Remove:** アサインされたLadderを解除します。

#### Tape2枚以上の場合



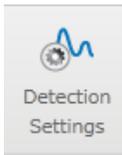
**Insert:** 選択されているTapeにElectronic ladderを挿入します。

**Restore:** Electronic Ladderを解除し、実際に泳動したLadderを再アサインします。全てのTapeで解除する場合はプルダウンメニューから "Restore All"を選択します。

**Insert All:** 全てのTape、Tape毎にElectronic ladderを挿入します。  
DNAのアッセイのみ対応

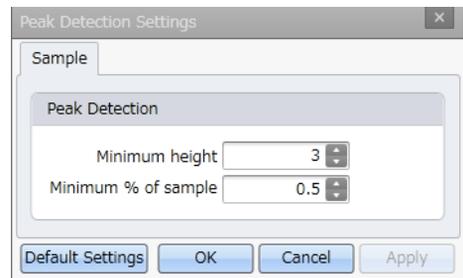
**Hide Ladders:** Ladderデータを表示しないようにします。

### 12 ピークの設定値

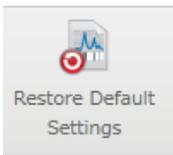


ピークとして認識される閾値を変更します。  
デフォルト設定値はアッセイにより異なります。

#### 設定値変更画面



### 13 変更した値を全てデフォルトに戻します。

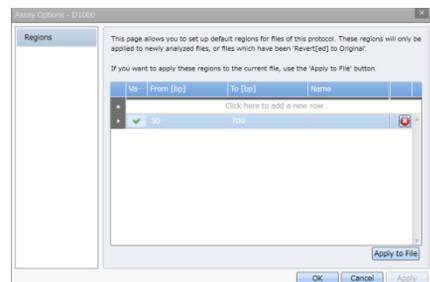


### 14 ピークもしくはRegionを編集します。(p10もしくはp11参照)

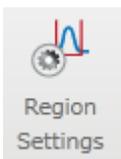


もしくは

#### Region設定画面



### 15 Region表示の時のみ Regionの条件を設定できます。(p11参照)



## データを解析する

### Electropherogramの表示

Electropherogramはシグナルの詳細を確認、編集するのに適しています。

“Electropherogram”のアイコンをクリックします。

Gel-imageの横にElectropherogramが表示されます。

ウェル、サンプル名、レーンで選択されたサンプル（青く表示）のElectropherogramが表示されます。

The screenshot shows the software interface for 2200 TapeStation Analysis Software. The 'Electropherogram' icon in the top menu is highlighted with an orange box. On the left, the 'Data Analysis' panel shows a plate layout with 'ウェル' (Well) and 'サンプル名' (Sample Name) labels. The main area displays a gel image with 'レーン' (Lane) label and an 'Electropherogram' plot showing signal intensity versus size. Below the plot, there are 'Peak Table' and 'Sample Table' labels.

Size [bp]	Conc. [ng/μl]	Peak Molarity [nmol/l]	% Integrated Area	Peak Comment	Observations
-	-	-	100.00	-	Lower Marker
-	-	-	-	-	Upper Marker

### Peak Tableのデータ

選択されたサンプル(青く表示) のデータが表示されます。表示項目はアッセイにより異なります。詳細はそれぞれのアッセイのページをご参照ください。

### Sample Tableのデータ

全てのサンプルのデータが表示されます。表示項目はアッセイにより異なります。

詳細はそれぞれのアッセイのページをご参照ください。

データに問題があった場合、タブに“⚠”が表示されますので内容を確認してください。

“Observations” カラムの“?” をクリックすると、Helpで詳細を見ることができます。

Alertの内容に関しましてはp21-22をご参照ください。

Sample Table ⚠

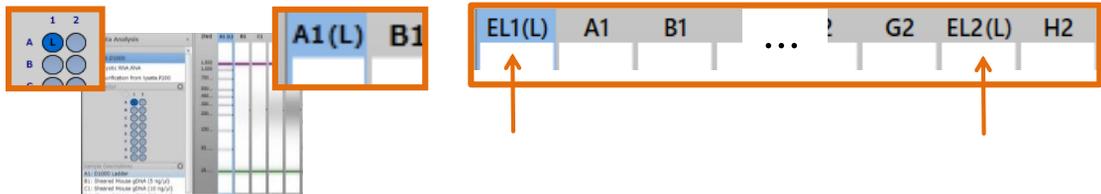
Observations ?

## Ladderの設定

ソフトウェアが自動でLadderを設定します。

泳動時、“Use Run Ladder”を選択した場合は、8連チューブA1から泳動されたレーンが、“Use Electronic Ladder”を選択した場合は、ソフトウェアのデータが挿入されます。

Ladderのウェル（8連チューブ使用時のみ）及びレーンにはRun Ladderの場合はウェル番号の後に“(L)”、Electronic Ladderの場合はレーン名が“EL”と表示されます。ELの場合、Tapeの何枚目かが数字で示されます（例：EL1, EL2…）

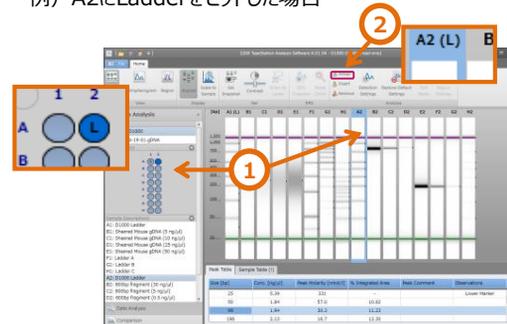


- 8連チューブA1ウェル以外にLadderをセットしてしまった場合

**Tape1枚使用時のみ**、再アサインが可能です。

- Ladderを泳動したウェルもしくはレーンを選択します。
- をクリックします。
- 指定したウェル及びレーンに“(L)”と表示されます。

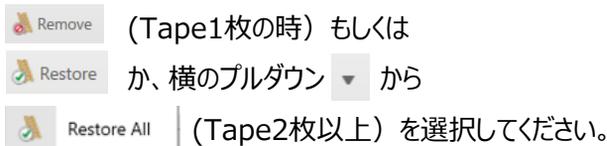
例) A2にLadderをセットした場合



- Ladderを泳動したが、Electronic Ladderを使用したい場合

- もしくは、Tape2枚以上の場合は をクリックします。
- 挿入されたLadderが表示され、サンプルのサイズが計算されます。

\* InsertしたElectronic Ladderを解除する場合は



Genomic DNA、D5000、High Sensitivity D5000 アッセイではElectronic Ladderは使用できません。毎回Ladderを泳動する必要があります。



Ladderを泳動した場合と比較して、サイズが正確に測定できない可能性があります。

## ピークの編集

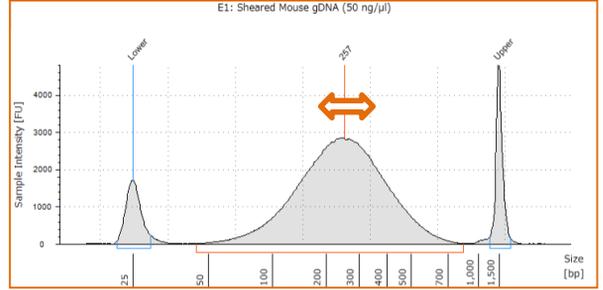
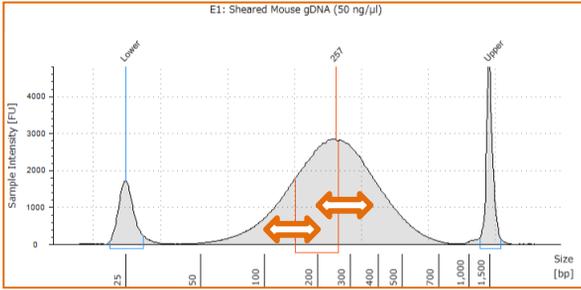
Electropherogram上でピークの編集を行います。



ソフトウェアが認識したピークにはベースラインが表示されています。

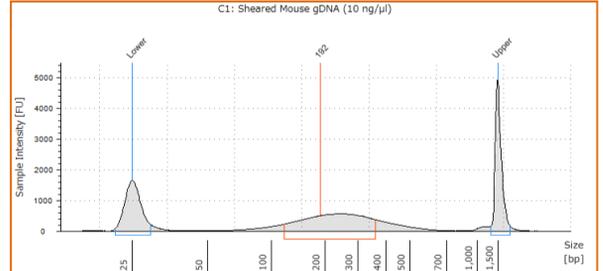
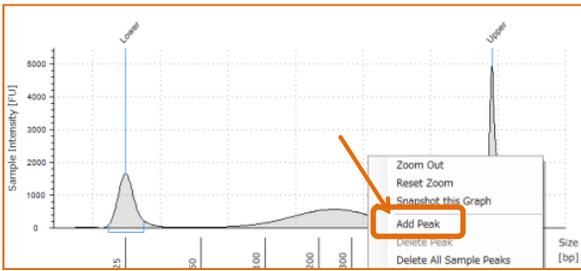
編集したいピークのベースラインをクリックします。

選択したベースラインが赤く表示され、自由に動かすことができます。ピークトップも自由に動かすことができます



## ピークが認識されていない場合

Electropherogram上で右クリックし、“Add Peak”を選択します。“Delete Peak”で削除できます。



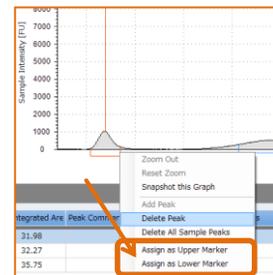
もしくは“Edit Peaks”アイコンをONにすると、ダブルクリックでピークが追加されます。



## Markerが認識されていない または 間違っ認識されている場合

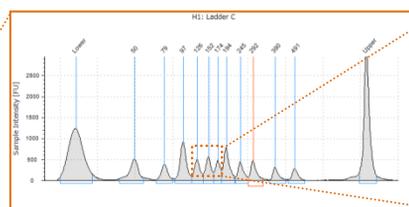
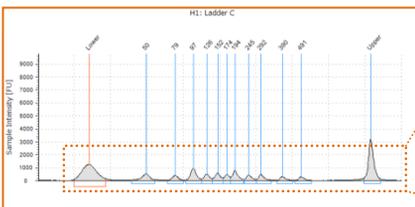
Markerのピークを選択し（赤く表示されます）

右クリックから“Assign as Lower/Upper Marker”を選択してください。



## Electropherogramの拡大

Electropherogram上でドラッグすると拡大できます。（“Edit Peaks”はOFFにしてください）



## Regionの設定



任意の範囲でのaverage sizeや濃度を計算したい場合はRegion Assayが最適です。

## ■ Regionを設定する場合

- ① "Region"アイコンをクリックし、"Region Settings"アイコンをクリックします。
- ② Assay Optionウィンドウ内の"Regions"を選択します。
- ③ 設定条件を入力します。

From[bp/nt]/To[bp/nt]: Regionに設定するスタート/ストップのサイズを入力します。  
入力できるサイズはアッセイにより異なります。

Region Comment: 必要に応じてコメントを入力できます。

Color: プルダウンから色を選択できます。

Sample X: 現在選択されているサンプルのみにRegion設定を反映します。

This File: 現在開いているファイル内の全てのサンプルにRegion設定を反映します。

Assay Files: 同じAssayを解析する場合、設定したRegionがデフォルトで反映されます。

- ④ OKをクリックすると設定が反映され、Assay Optionのウィンドウが閉じます。  
続けてRegion設定する場合はApplyをクリックしてください。

Regions

This page allows you to define default regions for files of this assay. To apply a selected region to the active file check **This File** or to apply it to all files of this assay check **Assay Files**.

Regions set in this dialog box can only be removed from the electropherogram by deleting them from this dialog.

From [bp]	To [bp]	Region Comment	Color	Sample B1	This File	Assay File
40	1000			<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
50	500			<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
40	1200			<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

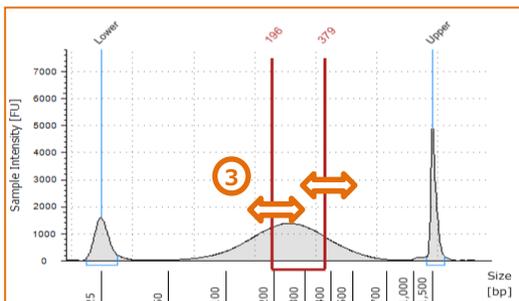
Click here to add a new row

OK Cancel Apply

Assay Optionウィンドウ

## ■ マニュアルでRegionを設定する

- ① "Region" アイコンをクリックします。
- ② Electropherogram上で右クリック、"Add Region"を選択します。
- ③ 任意の範囲に設定します。



Region

Zoom Out

Reset Zoom

Snapshot this Graph

Add Region

Delete Region

Delete All Regions

もしくは"Edit Regions"アイコンをONにすると、ダブルクリックでRegionが追加されます。



Peak/Sample Tableを編集する

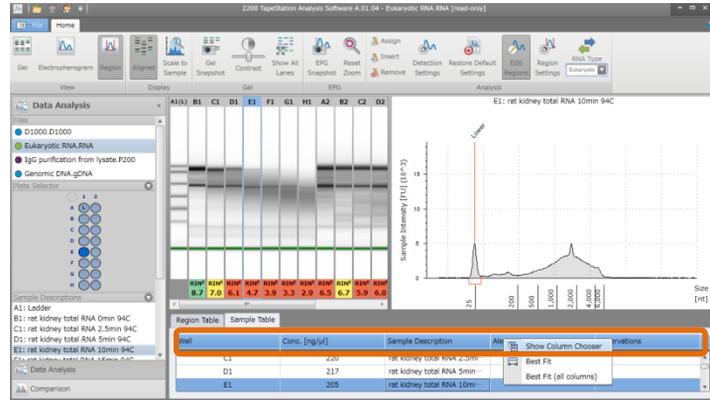
■表示されていない項目を追加したい

Tableの項目カラム上 ( ) で右クリック  
→ “Show Column Chooser”を選択

Column Chooserの中から表示したい項目をドラッグし、項目カラム上へ移動し、矢印 が表示されたらその場所に選択した項目を追加できます。

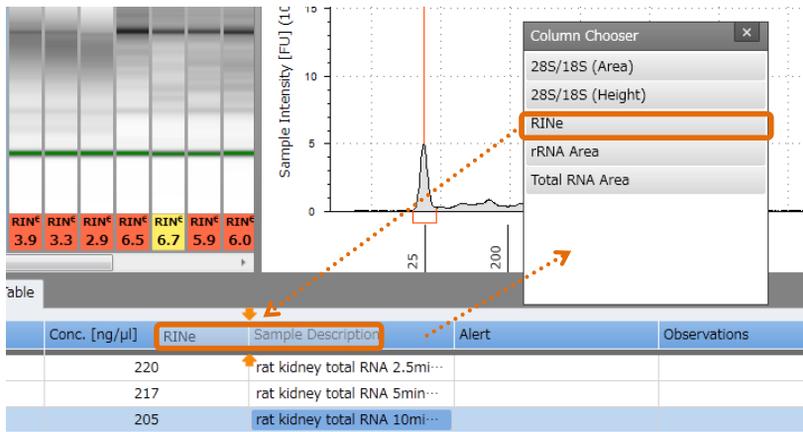
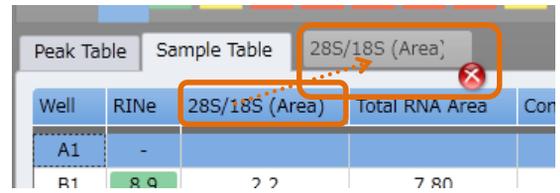
Column Chooserに表示される項目はアッセイやTableによって異なります。

項目をTableから除きたい場合は、カラムをColumn Chooserへドラッグします。



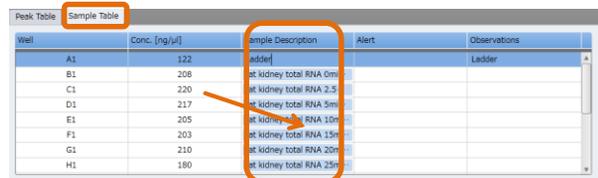
またはTable外にColumnをドラッグします。

Column 右下に ✖ が表示されます。



■サンプル名を入力/編集したい

サンプル名はSample Tableで記入できます。  
“Sample Description”に入力してください。  
テキストファイルやエクセルからcopy & pasteも可能です。

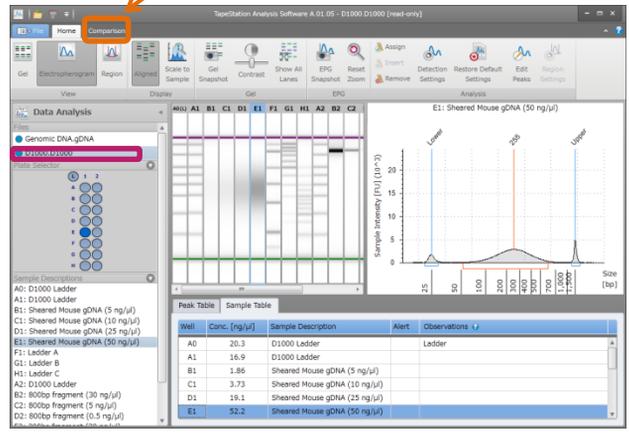


Comparison fileを作成する (Electropherogramの重ねがきをする)

注) 同じアッセイでも違うモデルの装置で  
取得したデータは比較することができません。



① 比較したいデータを開き、  
1つのデータを選択した状態 (青く表示) で  
“Comparison” タブをクリックします。



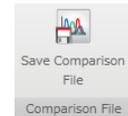
② ①で選択したデータと同じアッセイの  
データのサンプル名とgel imageが  
表示されます。(違うアッセイ間では  
比較できません。)  
重ねがきをするデータのサンプル名  
もしくはgel imageをクリックします。

③ 選択したサンプルのgel imageと  
Electropherogramが表示されます。  
表示を取り消す場合は、もう一度  
サンプル名かgel imageをクリックします。



④ 選択した全てを取り消す場合は  
“Remove All Lanes” をクリックします。

⑤ “Save Comparison File”アイコンをクリックすると  
作成したファイルを保存できます。

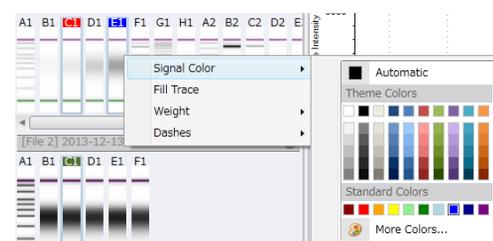


Comparison fileの拡張子はアッセイの前に “c”がつかます。

例) D1000のComparison file → Comparison\_X\_Lanes\_xxx.cd1000

point

Electropherogramの色などの表示形式は変更できます。  
変更したいサンプル名もしくはgel image上で  
右クリックします。



## DNA

## サンプルの濃度・サイズ等を確認する

表示されない項目がある場合p12をご参照ください。

•Gel もしくは Electropherogram表示の場合



Gel



Electropherogram

Peak Table: 各ピークのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp12参照)
Size [bp]	ピーク <b>トップ</b> のサイズ	<ul style="list-style-type: none"> <li>•% of Total</li> <li>•Area</li> <li>•From [%]</li> <li>•From [bp]</li> <li>•Height</li> <li>•Peak Number</li> <li>•Run Distance [%]</li> <li>•To [%]</li> <li>•To [bp]</li> </ul>
Conc. [ng/μl or pg/μl]	ピークの濃度	
Peak Molarity [nmol/l or pmol/l]	ピークのMolarity	
% Integrated Area	計算されたピーク面積の%	
Peak comment	ピークについてコメントを記入できます。	
Observations	Markerなどが表示されます	

Sample Table: 全サンプルのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp12参照)
Conc. [ng/μl or pg/μl]	サンプルの濃度*	<ul style="list-style-type: none"> <li>•Source (Comparison fileのデータを開いた場合、元のデータのfile名が表示されます)</li> </ul>
Sample Description	記入されたサンプル名などが表示されます。入力も可能です。	
Alert	データに問題があった場合、“  ”が表示されます。	
Observations	Ladder, Alertの内容などが表示されます。	

\*D1000/HSD1000は認識されたピークの合計の濃度になります



Region

•Region表示の場合

Sample TableはGelもしくはElectropherogram表示と同じです。

! Regionの濃度はSample Tableには反映されません!

Region Table: 各Regionのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp12参照)
From [bp]	Region開始サイズ	<ul style="list-style-type: none"> <li>•Area</li> <li>•Automatic Region True: Assay OptionのRegionで追加/編集した場合 False: マニュアルでRegionを設定した場合</li> <li>•Region Number</li> </ul>
To [bp]	Region終了サイズ	
Average Size [bp]	Regionの <b>平均</b> サイズ	
Conc. [ng/μl or pg/μl]	Regionの濃度	
Region Molarity [nmol/l or pmol/l]	RegionのMolarity	
% of Total	計算されたRegionの%	
Region comment	Region名などが表示されます。	
Color	設定されたRegionの色	

Genomic DNAのみの機能

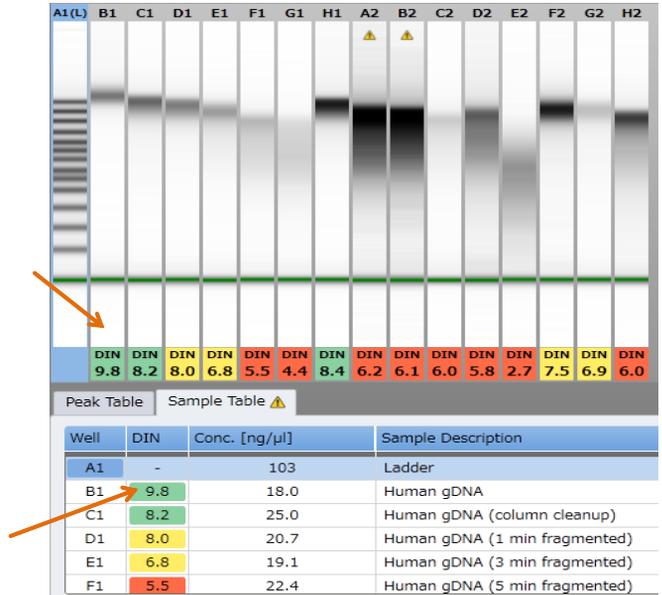


ゲノムDNAの分解度を確認する

■ DIN (DNA Integrity Number)の表示

・ゲルレーンの下、Sample Tableに  
DINが自動で表示されます。

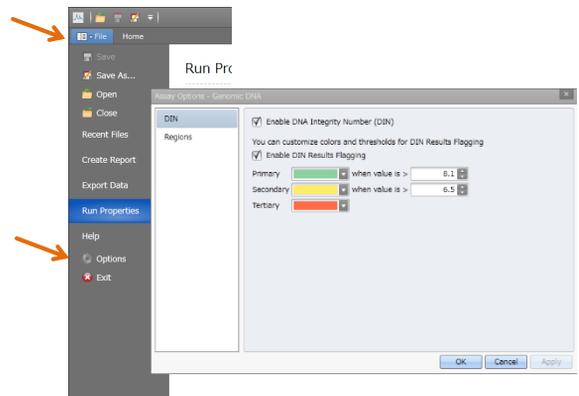
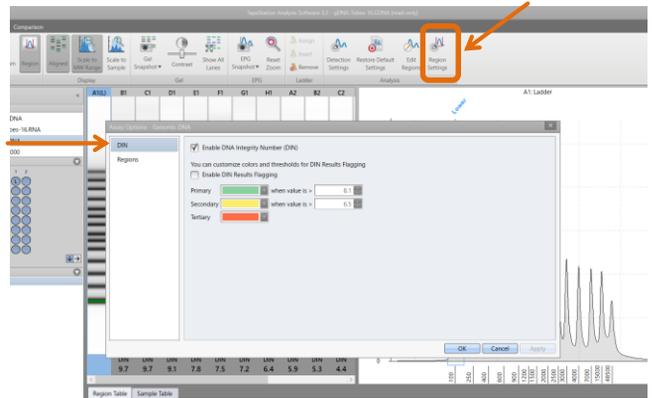
DINが表示されない場合はp23をご参照ください。



DINの表示設定の変更

“Region Settings”から“DIN”の項目で  
フラグ設定等ができます。

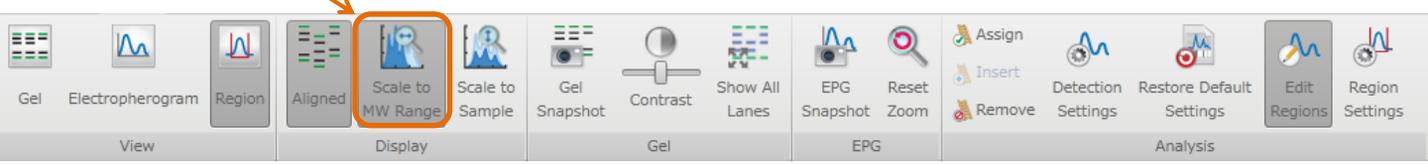
Fileタブから“Option”でも設定できます。



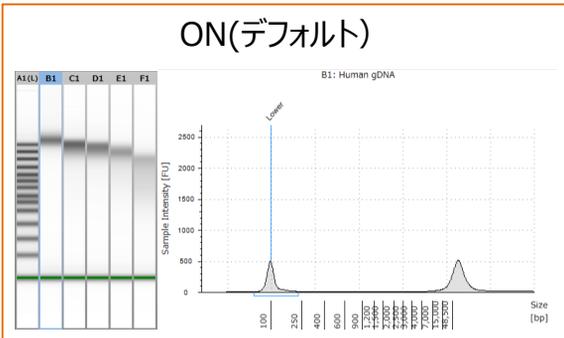
Genomic DNAのみの機能



Scale to MW Range (デフォルトではON)

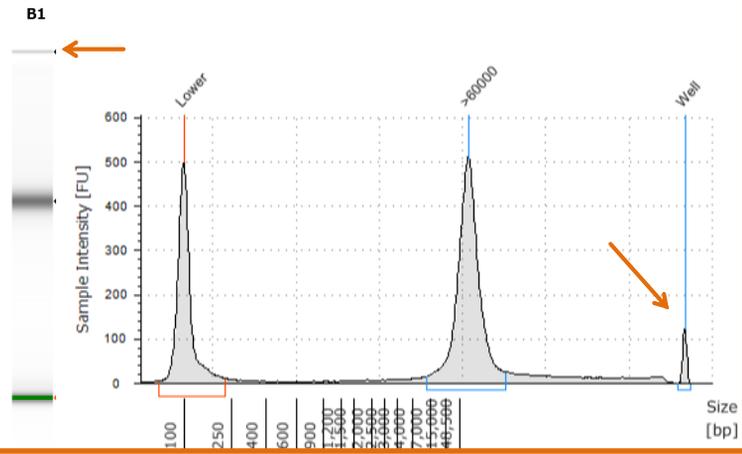
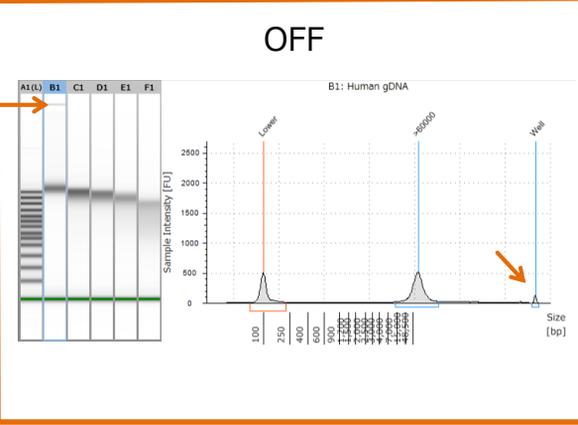


OFFにすることで、データ範囲が広がり  
ゲルとbufferの境目のシグナルを確認することができます。



分子量が非常に大きい、  
高次構造をとっている、  
濃度が高い、  
などのサンプルの場合、ゲルの中に入らないため  
境目にサンプルシグナルが検出されます。

ゲルとbufferの境目のシグナル (→)  
Electropherogram表示で "Well"と表示されます。



## Cell-free DNAのみの機能



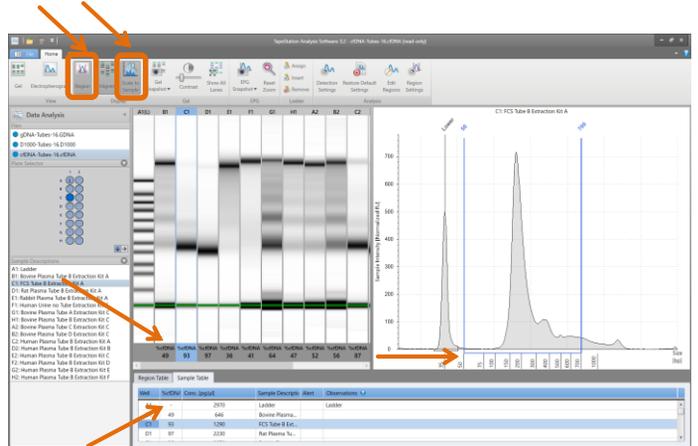
- Cell-free DNA AssayではデフォルトでRegion View表示されます。
- 解析ソフトウェアで一番初めにCell-free DNAを開いた場合は、“Sample to Scale”で表示されます。  
(その後、開いた別のアッセイでも “Sample to Scale”の表示になります。)

## Cell-free DNAの割合を確認する

### ■ %cfDNAの表示

•ゲルレーンの下、Sample Tableに %cfDNA (50 – 700 bpの全体に対する割合)が自動で表示されます。

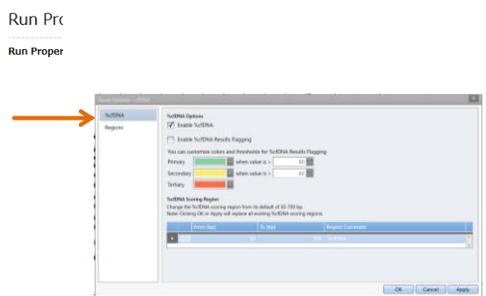
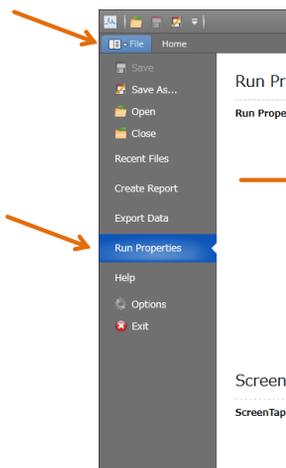
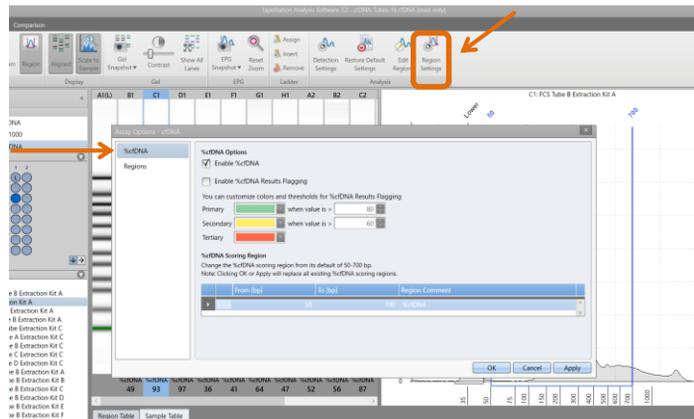
%cfDNAが表示されない場合はp23をご参照ください。



### %cfDNAの表示設定の変更

“Region Settings”から “%cfDNA”の項目でフラグ設定等ができます。

Fileタブから “Option”でも設定できます。



**RNA**

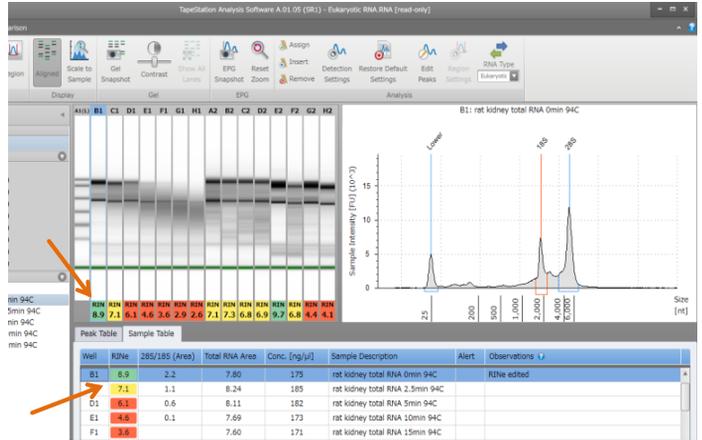
注) RIN<sup>e</sup>アルゴリズムが改善されたため、A01.04以前で計算されたRIN<sup>e</sup>と値が異なる場合があります。

**Total RNAの分解度を確認する**

■ RIN<sup>e</sup> (RNA Integrity Number equivalent)の表示

Gel imageの下及び  
Sample Tableに表示されます。

RIN<sup>e</sup>が表示されない場合はp23をご参照ください。



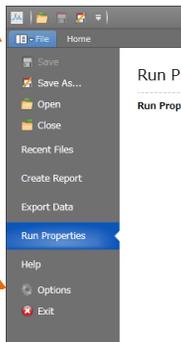
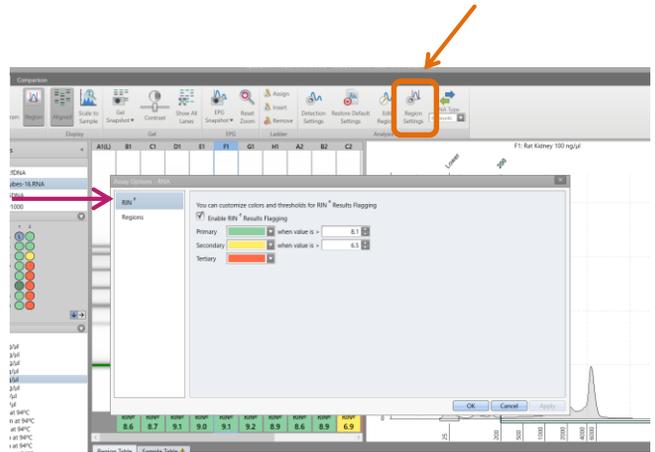
**RIN<sup>e</sup>の表示設定の変更**

“Region Settings”から RIN<sup>e</sup>の項目で  
フラグ設定等ができます。

Fileタブから “Option”でも設定できます。

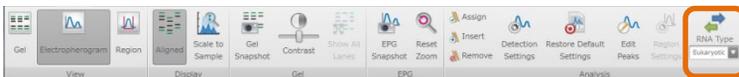
RIN<sup>e</sup>の表示色 (デフォルト設定)

- >8.1
- >6.5
- 6.5以下



■ 生物種の切り替え

RIN<sup>e</sup>は真核生物と原核生物に対応しています。  
泳動時の設定を解析ソフトウェア上で変更することができます。



## RNA

サンプルの濃度・サイズ等を確認する

表示されない項目がある場合p12をご参照ください。

•Gel もしくは Electropherogram表示の場合

Peak Table: 各ピークのデータが表示されます。



Gel



Electropherogram

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp12参照)
Size [nt]	ピークトップのサイズ	<ul style="list-style-type: none"> <li>•% of Total</li> <li>•Area</li> <li>•From [%]</li> <li>•From [nt]</li> <li>•Height</li> <li>•Peak Number</li> <li>•Run Distance [%]</li> <li>•To [%]</li> <li>•To [nt]</li> </ul>
Conc. [ng/μl or pg/μl]	ピークの濃度	
Peak Molarity [nmol/l or pmol/l]	ピークのMolarity	
% Integrated Area	計算されたピーク面積の%	
Peak comment	ピークについてコメントを記入できます。	
Observations	Marker, rRNAなどが表示されます	

Sample Table: 全サンプルのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp12参照)
RIN <sup>e</sup>	RIN <sup>e</sup> が表示されます	<ul style="list-style-type: none"> <li>•28S/18S (Height)</li> <li>•rRNA Area</li> <li>•Source</li> </ul> (Comparison fileのデータを開いた場合、元のデータのfile名が表示されます) <ul style="list-style-type: none"> <li>•Total RNA Area</li> </ul>
28S/18S (Area)	28Sと18Sのピーク面積の割合	
Conc. [ng/μl or pg/μl]	サンプルの濃度	
Sample Description	記入されたサンプル名などが表示されます。入力も可能です。	
Alert	データに問題があった場合、“  ”が表示されます。	
Observations	Ladder, Alertの内容などが表示されます。	



Region

•Region表示の場合

Sample TableはGelもしくはElectropherogram表示と同じです。

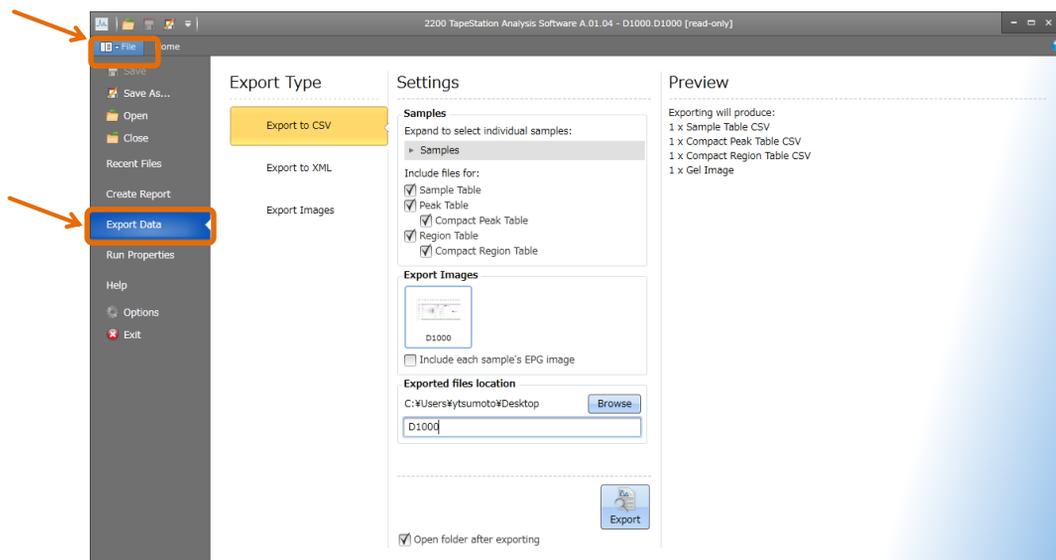
**! Regionの濃度はSample Tableには反映されません!**

Region Table: 各Regionのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法はp12参照)
From [nt]	Region開始サイズ	<ul style="list-style-type: none"> <li>•Area</li> <li>•Automatic Region True: Assay OptionのRegionで追加/編集した場合 False: マニュアルでRegionを設定した場合</li> <li>•Region Number</li> </ul>
To [nt]	Region終了サイズ	
Average Size [nt]	Regionの平均サイズ	
Conc. [ng/μl or pg/μl]	Regionの濃度	
Region Molarity [nmol/l or pmol/l]	RegionのMolarity	
% of Total	計算されたRegionの%	
Region comment	Region名などが表示されます。	
Color	設定されたRegionの色	

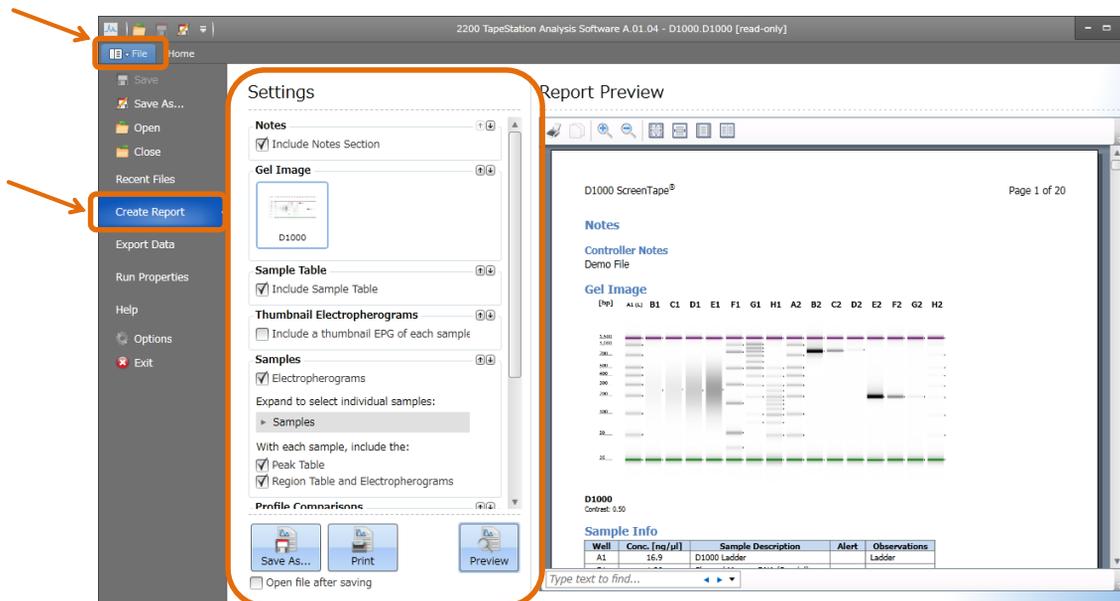
## データを実出力する

Fileタブから“Export Data”を選択し、出力したい形式を選びます。  
Peak/Sample/Region Tableはcsv形式、画像はpng形式で出力されます。



## レポートを作成する

Fileタブから“Create Report”を選択します。レポートに含むデータは“Settings”で自由を選択できます。  
PDF形式で作成されます。

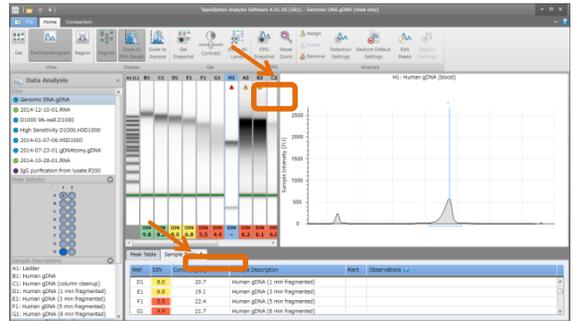


## トラブルシューティング

### Alertについて

データに問題がある場合、Gel imageの上部及びSample Tableに “⚠”が表示されます。

- ⚠ → データに問題がある可能性があります。
- ⚠ → Marker, Ladderが正しく認識されておらず  
サイズ、RIN<sup>e</sup>、DIN、%cfDNAが計算されません。



Alert内容はObservationsに表示されます。詳細は下表をご参照ください。

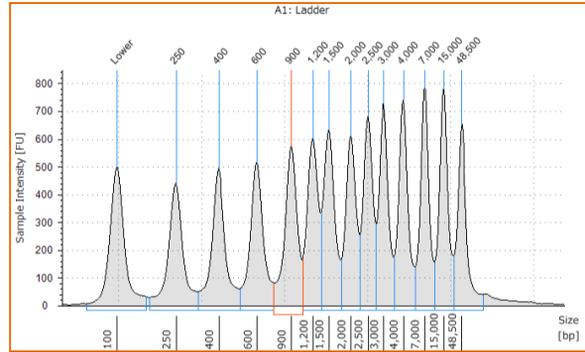
Observation	詳細	対処法
Caution! Expired ScreenTape	ScreenTapeの使用期限がきれている。	使用期限を過ぎたScreenTapeや試薬を使用したデータに関しましては一切保証できませんのでご了承ください。
Caution! Expired ScreenTape (used after two weeks of first use)	ScreenTapeの使用期限がきれている。(最初に使用してから2週間以上経過している。)	
File does not have ladder assigned	Ladderが泳動されていない、またはアサインされていない。	Ladderを正しくアサインしてください。→p9 Ladderが必須のアッセイではLadderを含め再泳動してください。
Issue with ladder peak detection (too few peaks detected)	Ladderのピーク数が少ない。サイジングに影響が出ます。DINや%cfDNAが表示されません。	Ladderのピークを確認し、正しくアサインしてください。→p23 Genomic DNAの場合は、Ladderの調製方法を確認してください。
Issue with ladder peak detection (too many peaks detected)	Ladderのピーク数が多い。サイジングに影響が出ます。	Ladderのピークを確認し、正しくアサインしてください。→p23
Ladder run as sample	Ladderがサンプルとして認識されている。DINや%cfDNAが表示されません。	Ladderを正しくアサインしてください。→p9

Observation	詳細	対処法
Marker(s) not detected	Markerが認識されていない。 データが補正されず、サイズが表示されません。DINや%cfDNA、RIN <sup>e</sup> が表示されません。	Markerをマニュアルで認識してください。 →p10
Markers outside standard running position	Markerが予想される移動度から外れている。 サイジングに影響が出ます。 データが補正されません。	Markerが検出されていない場合は泳動しなおしてください。
Sample concentration outside recommended range	定量濃度範囲外。 定量値が正確でない可能性があります。	各アッセイの定量範囲内で泳動してください。
Sample concentration outside functional range for DIN/%cfDNA/RIN <sup>e</sup>	DIN/%cfDNA/RIN <sup>e</sup> の推奨濃度範囲外。 値が正確でない可能性があります。	各アッセイの品質評価推奨濃度範囲内で泳動してください。
DIN edited (Marker position/Ladder sizing changed)	DINが修正された。 Markerの位置、Ladderのサイズが変更された場合、表示されます。	DIN/%cfDNA/RIN <sup>e</sup> は表示されます。 ソフトウェアがデフォルトで計算したDINを表示するには “Restore Default Settings”を使用してください。→p7⑬
%cfDNA Edited (Marker position /Ladder sizing /Region changed)	%cfDNAが修正された。 Markerの位置、Ladderのサイズ、Regionが変更された場合、表示されます。	
RIN <sup>e</sup> edited	RIN <sup>e</sup> が修正された。	
The original ladder for this lane had too many peaks	comparison fileにて 元のファイルのLadderのピーク数が多い。	元のファイルのLadderのピークを確認し正しくアサインしてください。 →p23
The original ladder for this lane had too few peaks	comparison fileにて 元のファイルのLadderのピーク数が少ない。	
The upper ribosomal fragment has degraded	28S/23SのrRNAが分解している。	データを確認してください。
The lower ribosomal fragment is missing	18S/16SのrRNAが認識されていない。	データを確認してください。

DIN/%cfDNAが表示されない場合

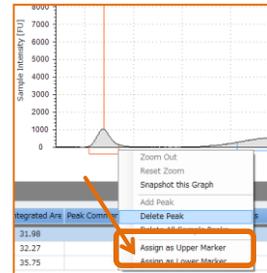
**!** Ladderのピークを確認してください

GenomicDNAのLadderはLower Markerも含め14本、cfDNAのLadderは12本ピークが現れます。ピーク数が少ない場合はDINが表示されません。ピークを追加してください。(方法はp10参照)



Genomic DNAのLadderの場合は分解を避けるため、Vortex以外の混合（転倒混和やタッピングなど）や過剰なvortexはしないでください。

**!** SampleのLower Markerを正しくアサインしてください。(方法はp10参照)



RIN<sup>e</sup>が表示されない場合

**!** SampleのLower Markerを正しくアサインしてください。(方法はp10参照)

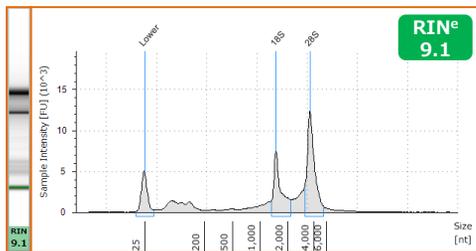
RIN<sup>e</sup>が適切な値でない場合

rRNAのピークや分解物（低分子側）のシグナル分布から予測される分解度に対しRIN<sup>e</sup>が適切な値でない場合

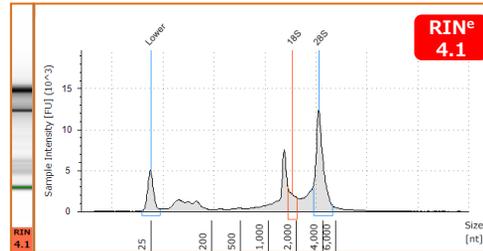
- ・生物種が正しいか確認をしてください。
- ・18Sまたは16Sのピークを確認してください。



例) 18Sが正しく認識されている場合

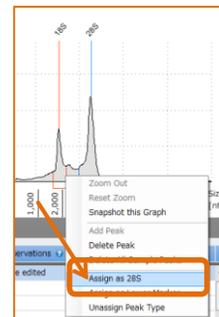


例) 18Sが正しく認識されていない場合



**rRNAピークが認識されていない  
または 間違って認識されている場合**

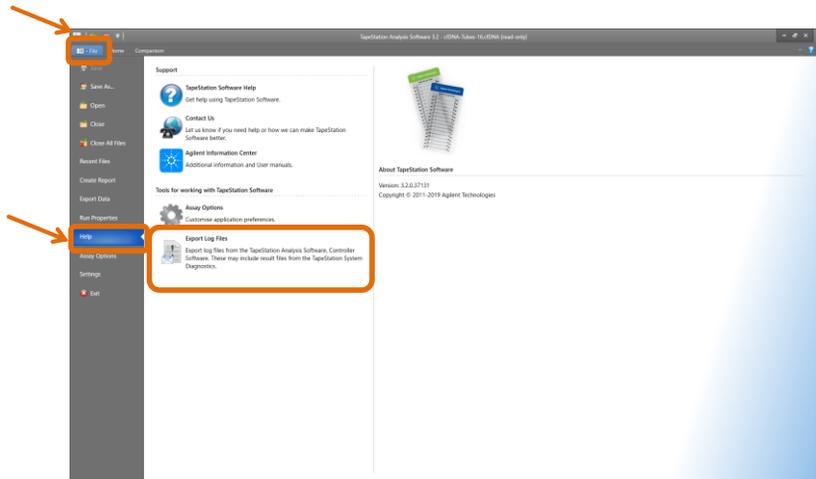
rRNAのピークを選択し（赤く表示されます）右クリックから“Assign as 18S/28S/16S/23S”を選択してください。



## ログファイルの作成

装置の動作が不安定である、データの不具合が装置由来の可能性がある場合、ログファイルの送付をお願いすることがあります。

Fileタブより“Help”を選択、  
“Export Log Files”をクリックすると  
zip形式でファイルが作成されます。



プロトコルなどのダウンロードサイト  
[https://www.chem-agilent.com/lsc-a-booth/DNAMicroArray/yan\\_MicroArray.htm](https://www.chem-agilent.com/lsc-a-booth/DNAMicroArray/yan_MicroArray.htm)  
 (ログイン名、パスワードはお問い合わせください。)

製品に関するお問い合わせ先 ;  
 Phone: 0120-477-111  
 Fax: 0120-565-154  
 Mail: email\_japan@agilent.com

=====  
 電話・メール受付時間 土、日、祝祭日を除く  
 9 : 00 ~ 12 : 00 13 : 00 ~ 17 : 00  
 =====