

4150/4200 TapeStation Analysis Software

簡易マニュアル_4.1以降

ver. 4.0_2021.04

Rev
4.1
対応



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	25
-----------	----



Ver4.0 2021.04 での主な変更点

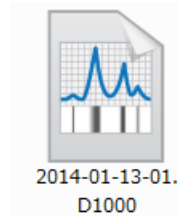
revision 4.1 に対応しました。

- ・ “comparison file の作成” 4150/4200 TapeStation のデータ比較が可能になりました
- ・ “データ出力” Electropherogram のデータが出力可能になりました
- ・ “トラブルシューティング” Alertの項目が追加されました。

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**

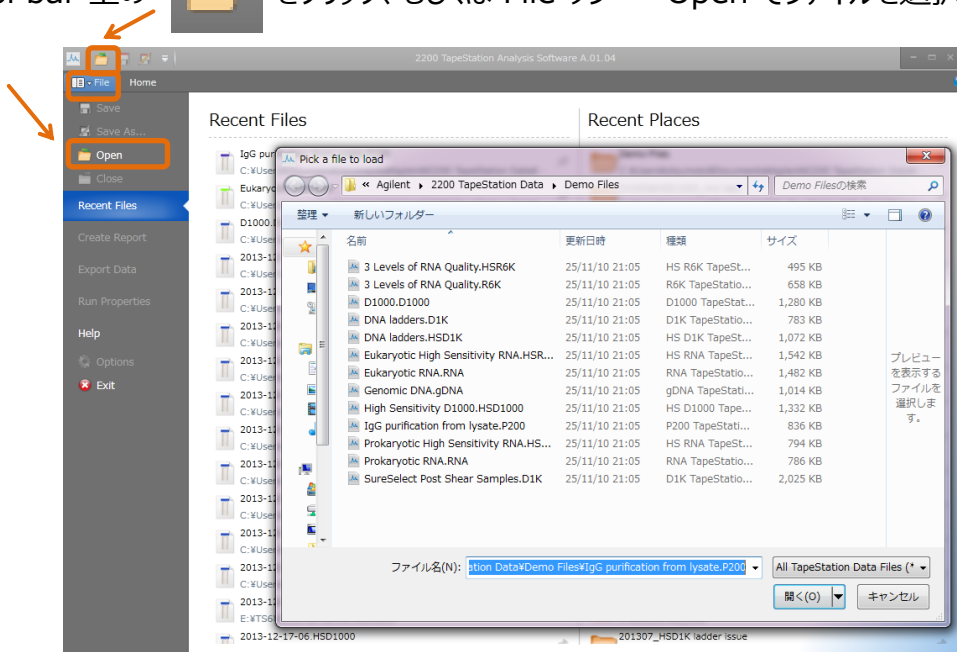
- または、デスクトップ上のアイコンをダブルクリックしソフトウェアを起動します。



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^e はレーン下部に表示されます。
- Electropherogram: 選択したサンプルの Electropherogram が表示されます。
(Cell-free DNA Assay のデータの場合は Region Assay が表示されます。)
- 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。

Peak Table Sample Table

Peak/Sample Tableはタブで切り替えます

The screenshot displays the TapeStation Analysis Software 4.1 interface. The 'Home' tab is active, showing a ribbon with icons for Gel, Electropherogram, Region, Aligned, Scale to MW Range, Scale to Sample, Gel Snapshot, Contrast, and Assign. The main area is divided into several sections:

- Sample information:** A panel on the left showing a list of files (D1000-Tubes-16.D1000, cfDNA-Tubes-16.cfDNA, D1000-Plate-96.D1000, gDNA-Tubes-16.GDNA) and a plate selector grid.
- Gel image:** A central panel showing a gel image with lanes labeled B1, C1, D1, E1, F1, G1, H1, A2, B2, C2. A green line indicates the lower marker, and a purple line indicates the upper marker.
- Electropherogram:** A panel on the right showing a graph of Sample Intensity (Normalized FU) vs Size [bp]. The graph displays multiple peaks corresponding to the samples.
- Peak table:** A table at the bottom showing the results of the peak analysis. It includes columns for Well, DIN, Conc. [ng/μl], Sample Descripti, Alert, and Observations.
- Sample table:** A table at the bottom showing the results of the sample analysis. It includes columns for Well, DIN, Conc. [ng/μl], Sample Descripti, Alert, and Observations.

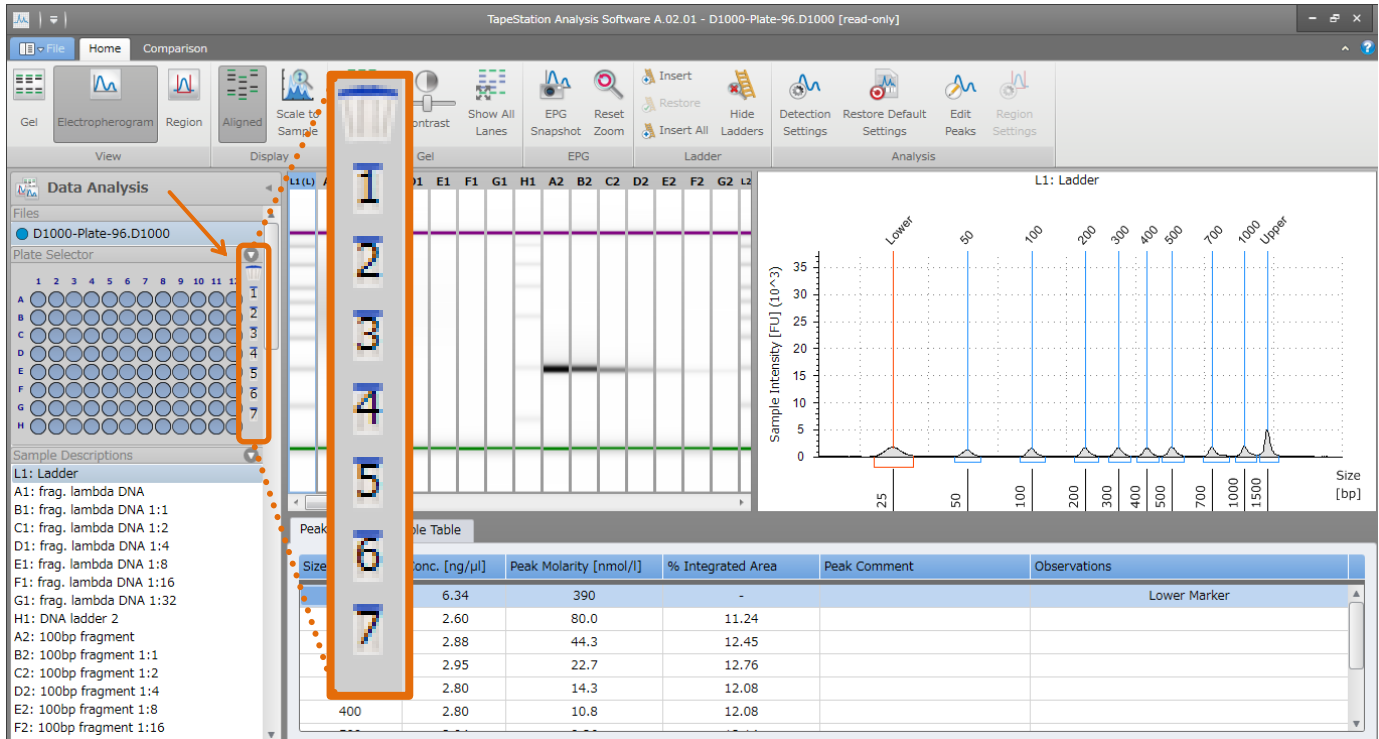
The Peak table and Sample table are both visible, with the Peak table currently selected. The Sample table is also visible, showing data for all samples.

Well	DIN	Conc. [ng/μl]	Sample Descripti	Alert	Observations
A1	-	58.2	Ladder		Ladder
B1	9.5	27.2	gDNA sample 1		
C1	5.9	28.1	gDNA sample 2		
D1	5.8	25.5	gDNA sample 2		
E1	4.0	38.7	gDNA sample 3		
F1	4.1	39.0	gDNA sample 3		
G1	2.0	33.7	gDNA sample 4		

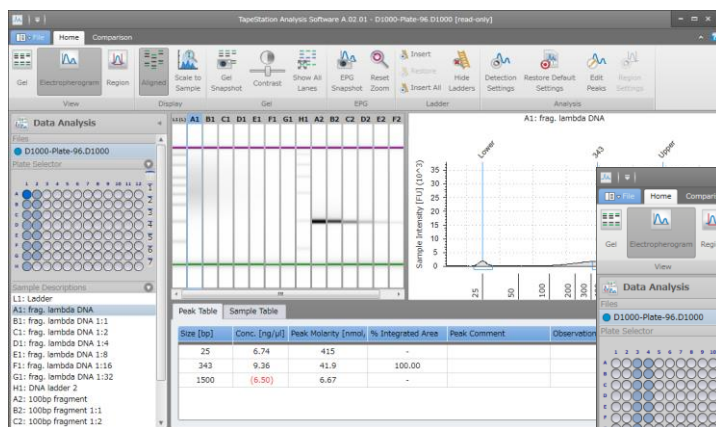


複数の ScreenTape で泳動した場合

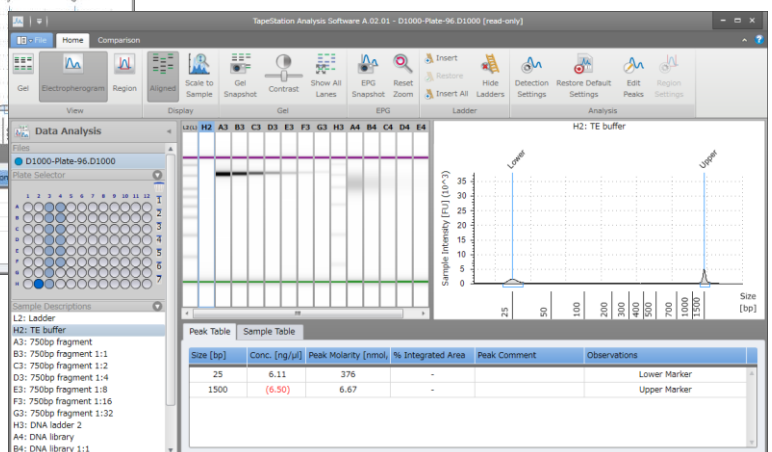
Tape 毎にデータを表示することができます。
Plate Selector 右の Tape の絵をクリックしてください。



例) ScreenTape 1 枚目のデータ

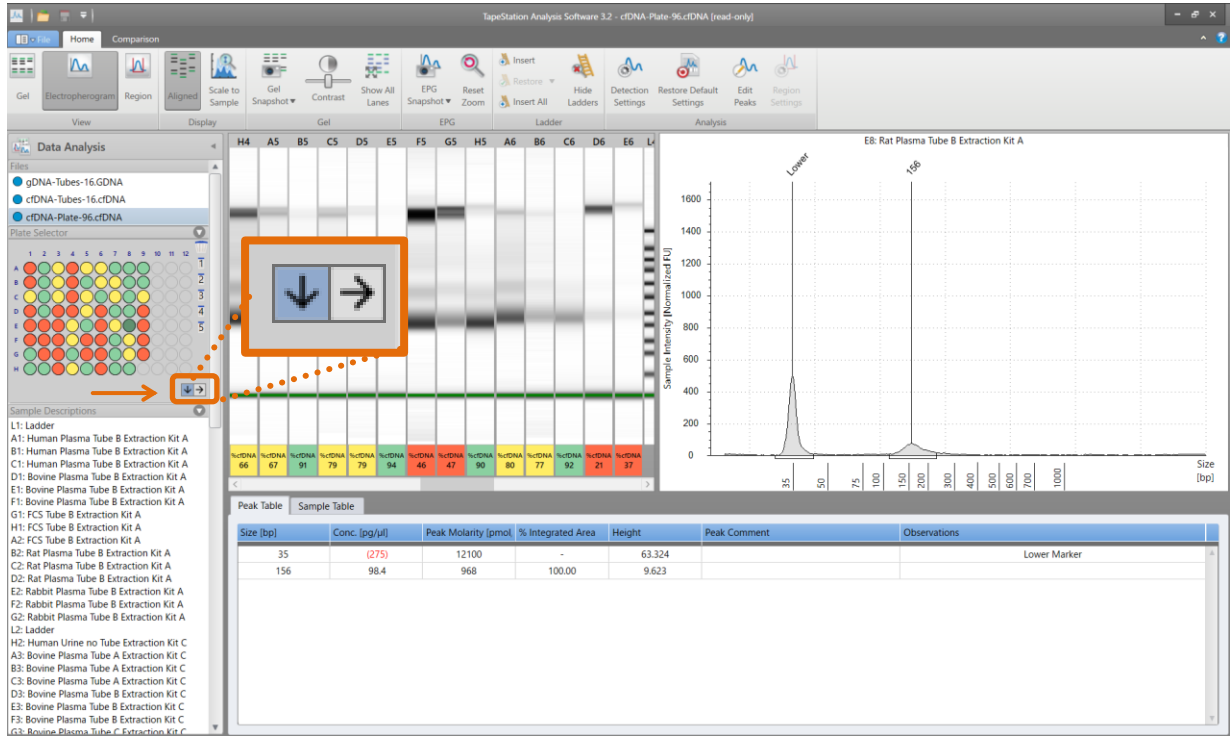


例) ScreenTape 2 枚目のデータ



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。



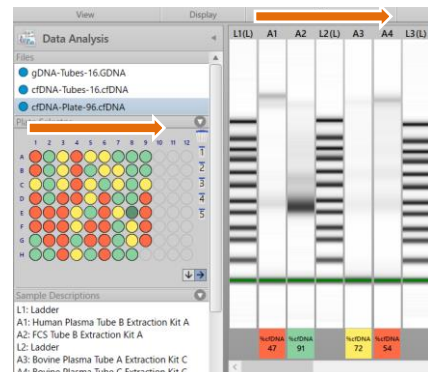
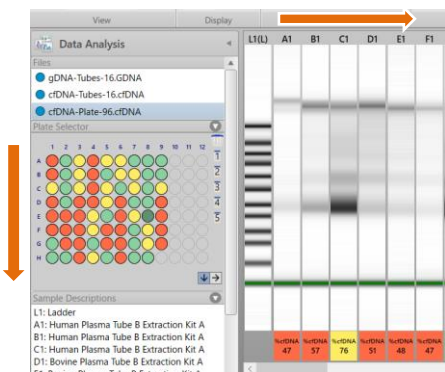
Column (縦) 方向

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。



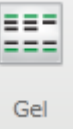
Ribbon アイコン

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。

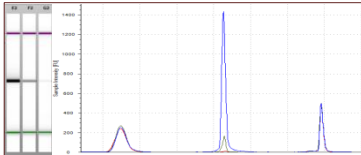


View

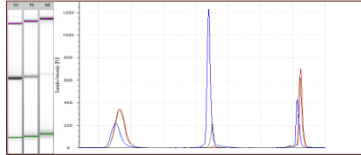
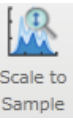
- 1  ゲル画像のみ表示
- 2  Electropherogram とゲル画像を表示
- 3  Region Assay を行う (p11 参照) Electropherogram とゲル画像を表示

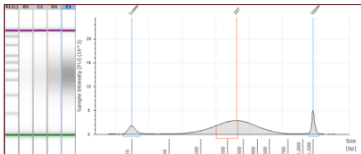
Display

- 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



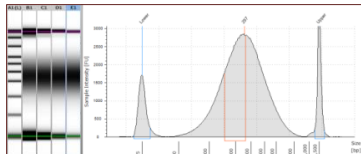
Aligned OFF


- 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



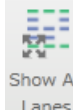
サンプル間でゲルイメージを比較したい場合

Scale to Sample ON

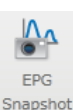


シグナルが弱いレーンも明確に表示したい場合

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

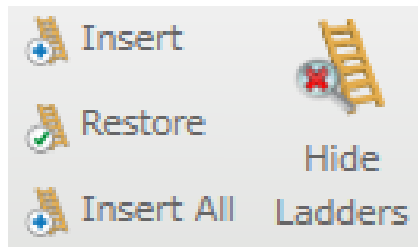
11 Ladder の設定 (詳細は p9 参照)

**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**

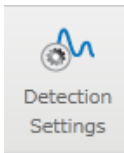
Insert: 選択されている Tape に Electronic ladder を挿入します。

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。

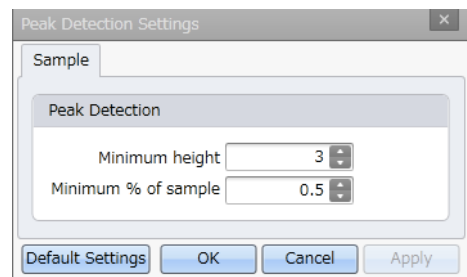
Insert All: 全ての Tape、Tape 毎に Electronic ladder を挿入します。
DNA のアッセイのみ対応

Hide Ladders: Ladder データを表示しないようにします。

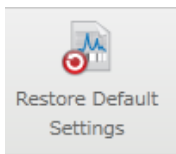
12

**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。

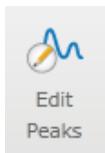
設定値変更画面

13

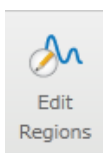


変更した値を全てデフォルトに戻します。

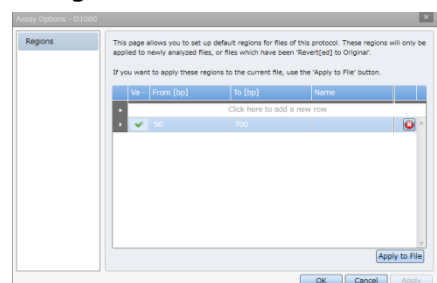
14



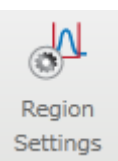
もしくは



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

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

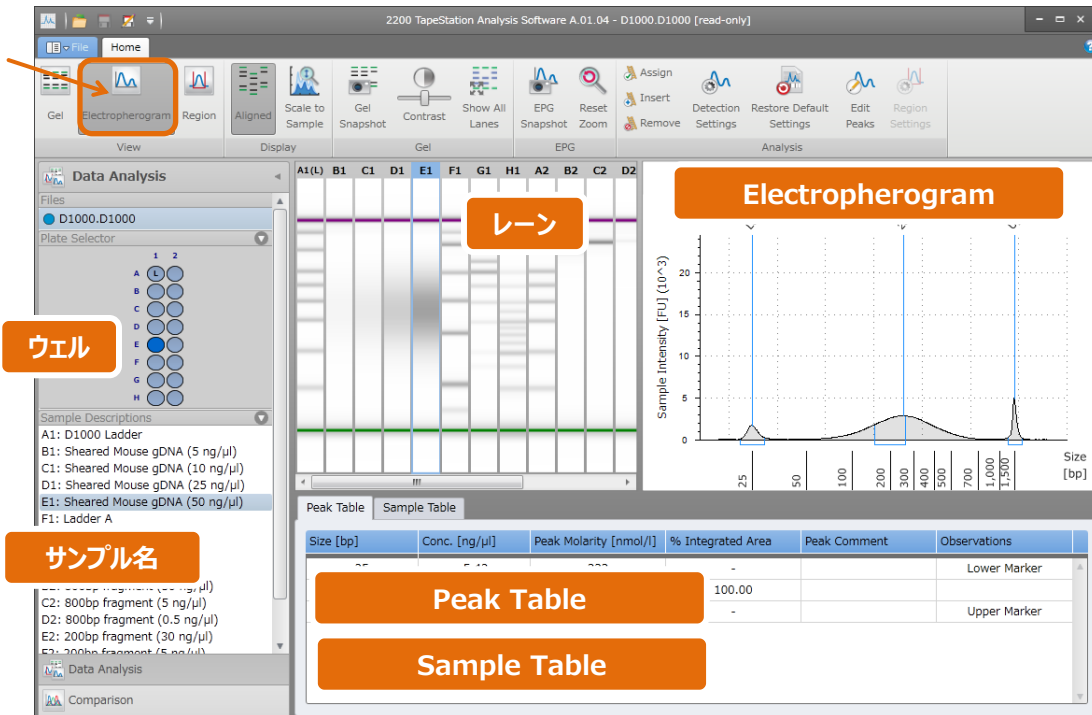
rev 4.1 以降ではデフォルトで表示されます
(Cell-free DNA のみの場合は Region が表示されます)

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。



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 – 23 をご参照ください。

Sample Table ⚠

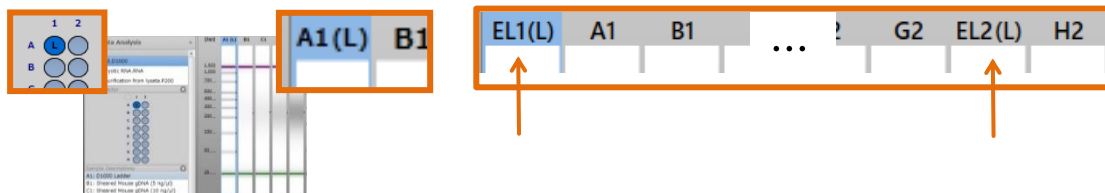
Observations ?

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…）

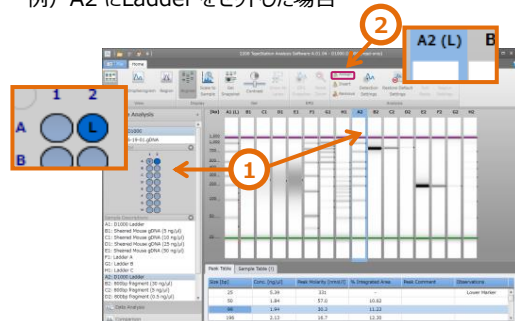


- 8 連チューブ A1 ウェル以外に Ladder をセットしてしまった場合

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。

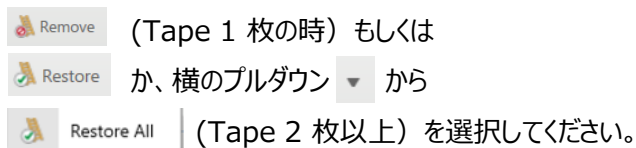
例) A2 にLadder をセットした場合



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

- もしくは、Tape 2 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



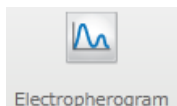
Genomic DNA、D5000、High Sensitivity D5000 アッセイでは Electronic Ladder は使用できません。
毎回 Ladder を泳動する必要があります。



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

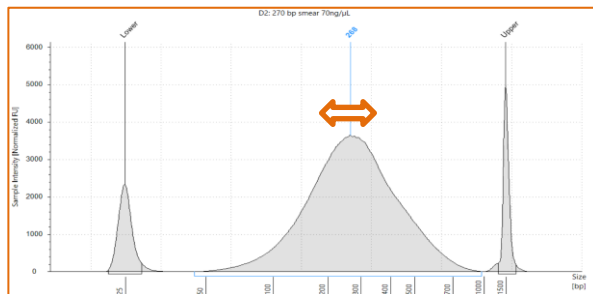
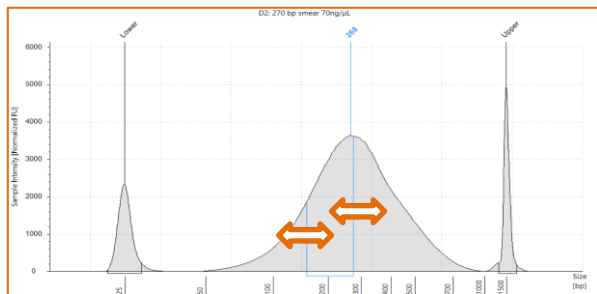
Electropherogram 上でピークの編集を行います。



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。

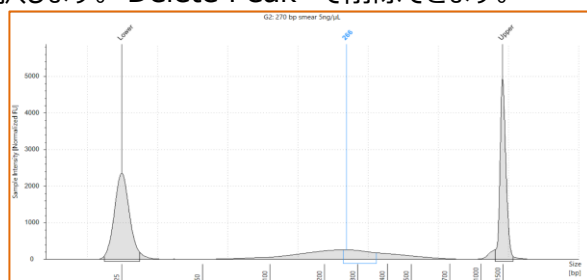
編集したいピークのベースラインをクリックします。

選択したベースラインが青く表示され、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。



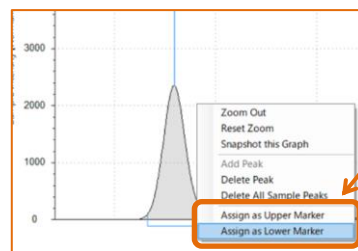
もしくは “Edit Peaks” アイコンをONにすると、ダブルクリックでピークが追加されます。



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

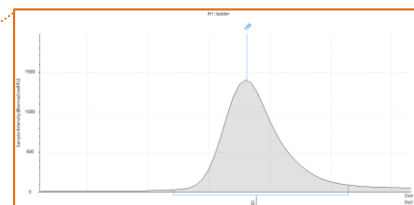
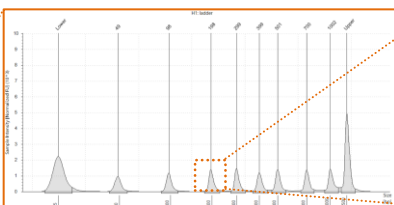
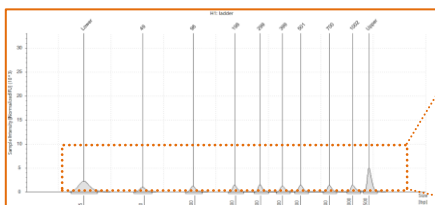
Marker のピークを選択し（青く表示されます）

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

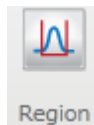


Electropherogram の拡大

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: ブルダウンから色を選択できます。

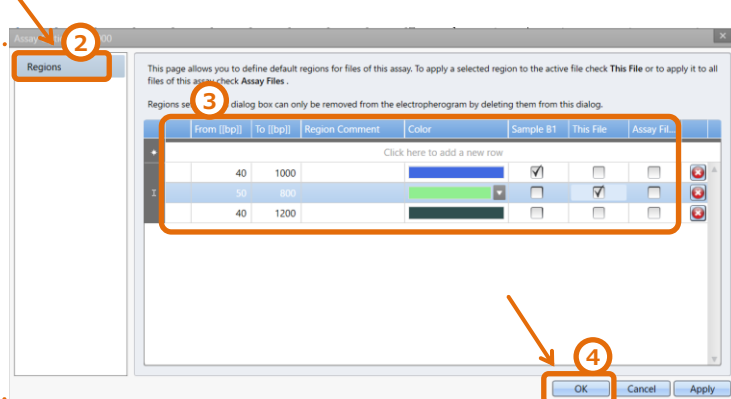
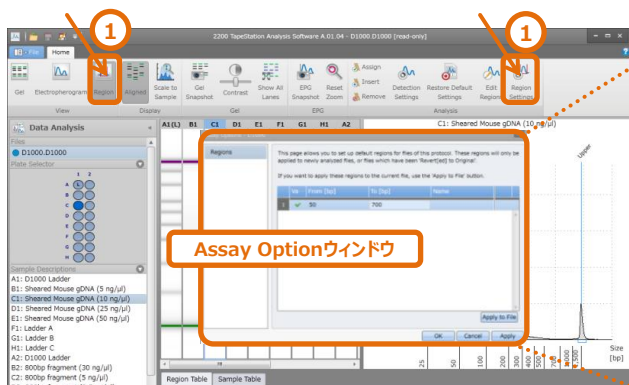
Sample X: 現在選択されているサンプルのみに Region 設定を反映します。

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: 同じアッセイを解析する場合、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。

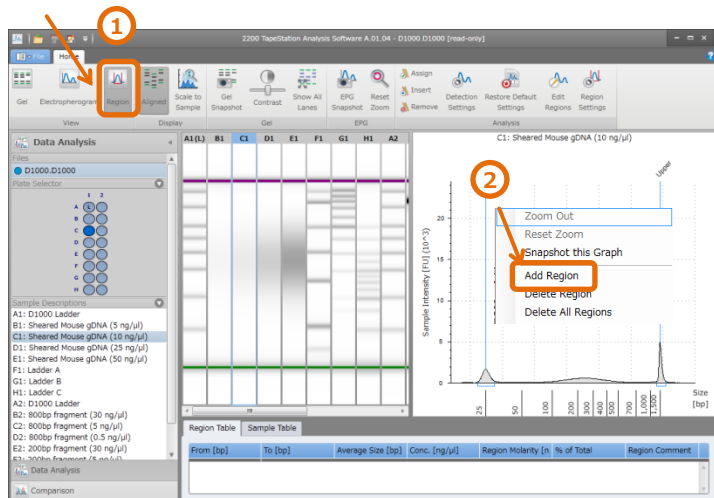
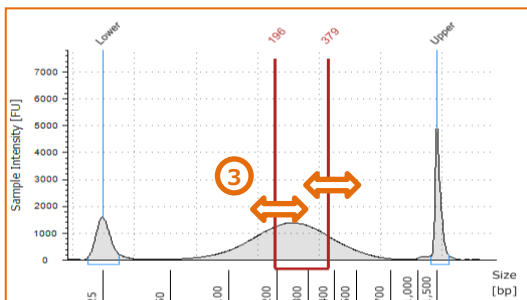


■ マニュアルで Region を設定する

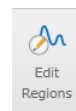
① "Region" アイコンをクリックします。

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。



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

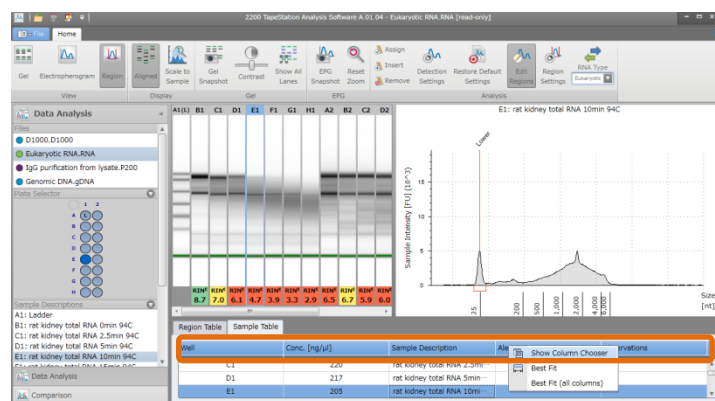
Table の項目カラム上 () で右クリック
→ “Show Column Chooser” を選択

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。

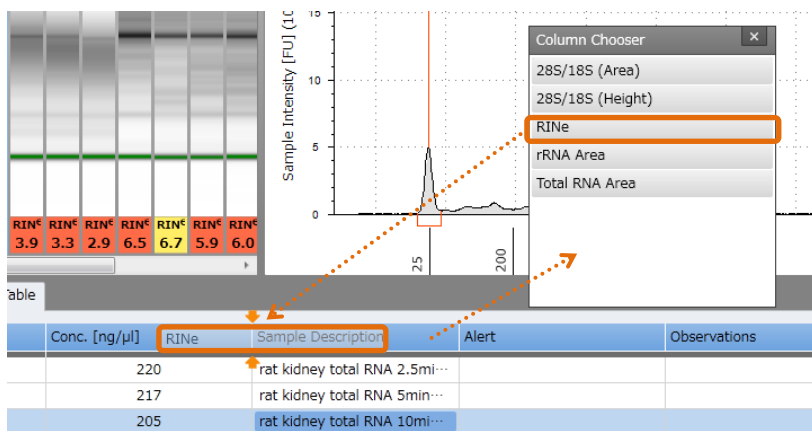
項目を Table から除きたい場合は、カラムを Column Chooser へドラッグします。

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。

Peak Table	Sample Table	28S/18S (Area)
Well	RINe	28S/18S (Area)
A1	-	
R1	8.9	7.80



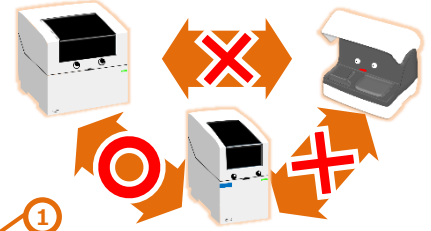
■サンプル名を入力/編集したい

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。

Well	Conc. [ng/μl]	Sample Description	Alert	Observations
A1	122	adder		Ladder
B1	208	rat kidney total RNA 0min		
C1	220	rat kidney total RNA 2.5		
D1	217	rat kidney total RNA 5min		
E1	205	rat kidney total RNA 10min		
F1	203	rat kidney total RNA 15min		
G1	210	rat kidney total RNA 20min		
H1	180	rat kidney total RNA 25min		

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 2200 TapeStation と 4150/4200 TapeStation 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。

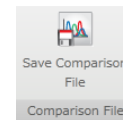
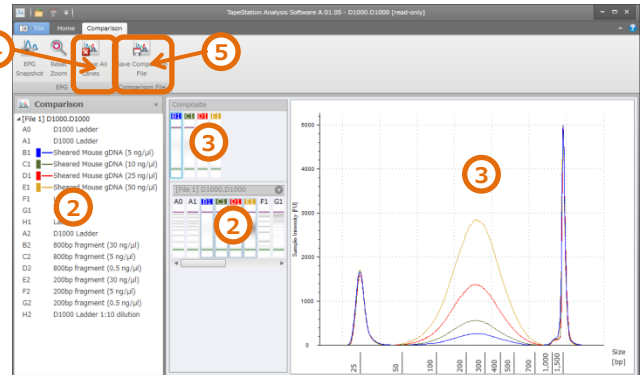
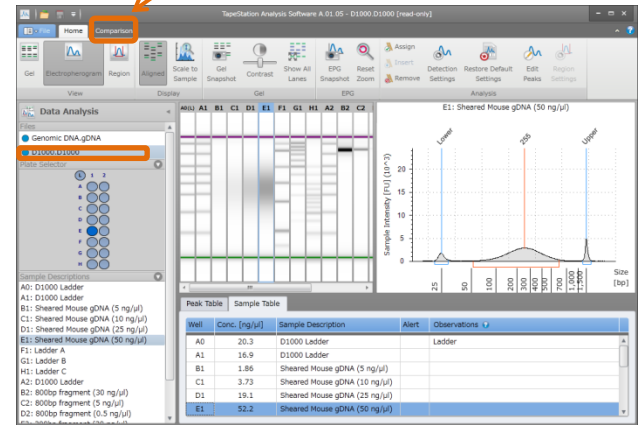
③ 選択したサンプルの gel image と
Electropherogram が表示されます。
表示を取り消す場合は、もう一度
サンプル名か gel image をクリックします。

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。

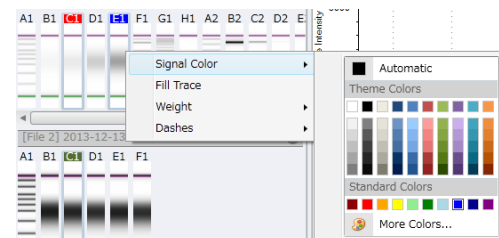
⑤ “Save Comparison File” アイコンをクリックすると
作成したファイルを保存できます。

Comparison file の拡張子はアッセイの前に “c” がつきます。

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。

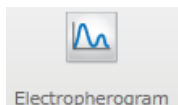
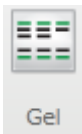


DNA

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



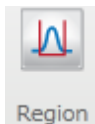
Peak Table: 各ピークのデータが表示されます。

項目	内容	その他追加できる項目 (追加方法は p12 参照)
Size [bp]	ピークトップのサイズ	• % of Total • Area • From [%] • From [bp] • Height • Peak Number • Run Distance [%] • To [%] • To [bp]
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*	• 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)
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 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	• Area • 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 • Region Number
To [bp]	Region 終了サイズ	
Average Size [bp]	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	

Genomic DNAのみの機能

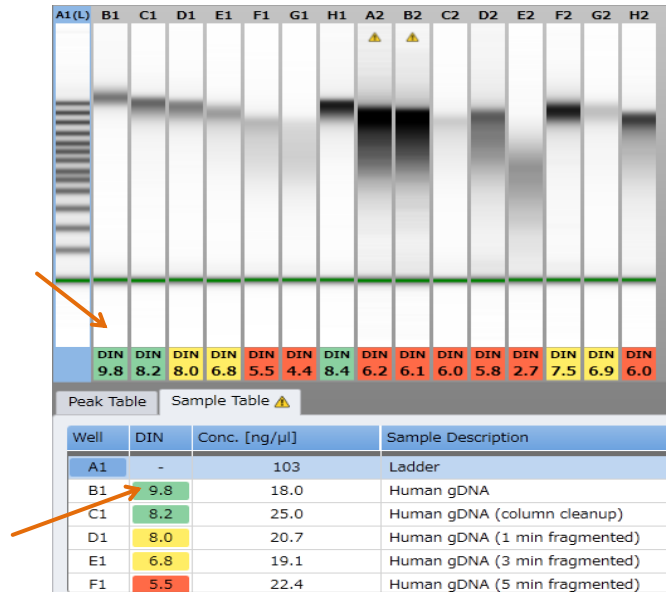


ゲノムDNAの分解度を確認する

■ 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。

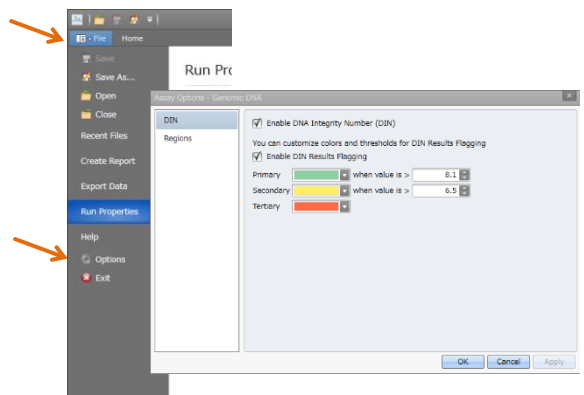
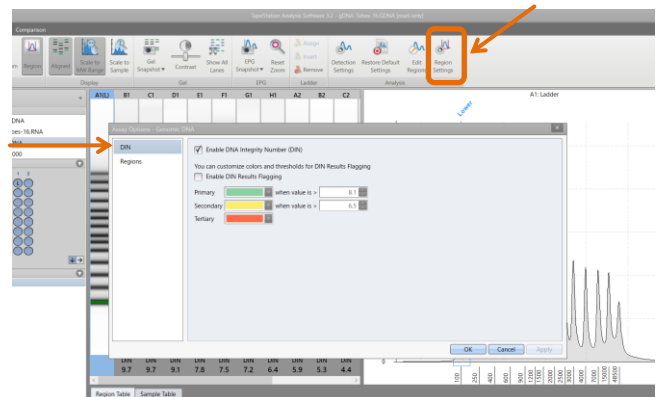
DIN が表示されない場合は p24 をご参照ください。



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。

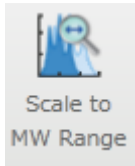
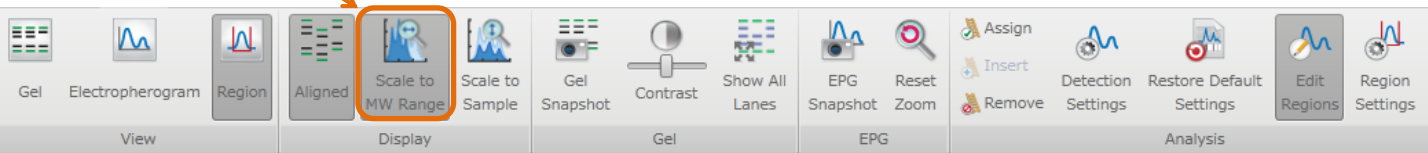
File タブから “Option” でも設定できます。



Genomic DNAのみの機能

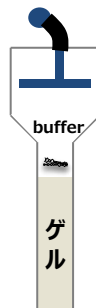
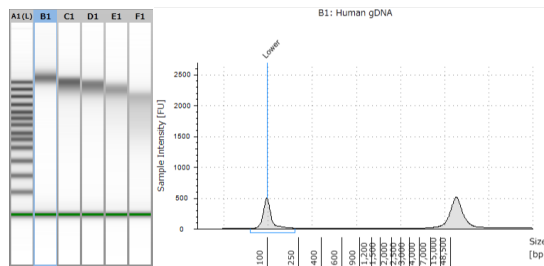


Scale to MW Range (デフォルトでは ON)



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。

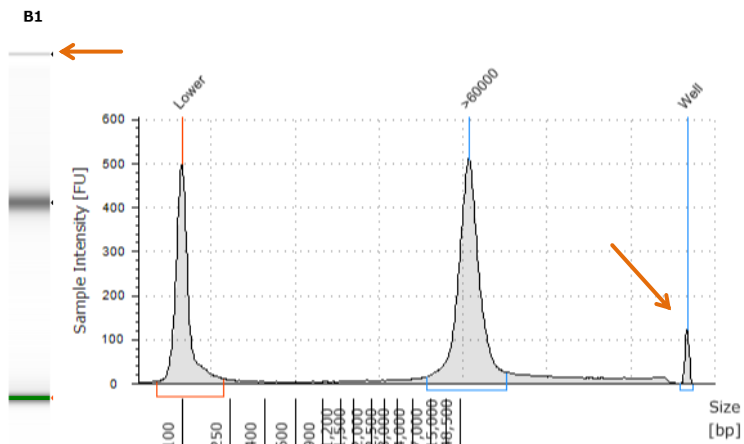
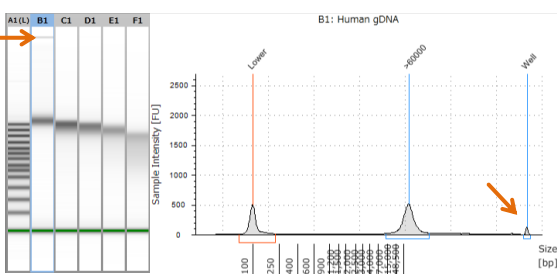
ON (デフォルト)



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。

OFF



Cell-free DNA のみの機能



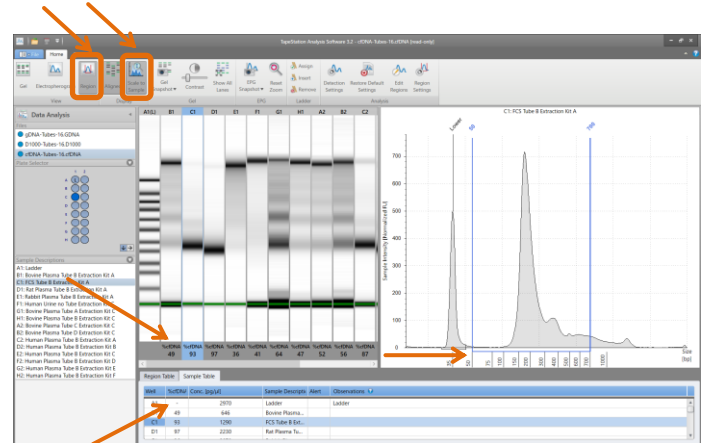
- Cell-free DNA Assay ではデフォルトで Region View 表示されます。
- 解析ソフトウェアで一番初めに Cell-free DNA を開いた場合は、“Scale to Sample” で表示されます。
- * 他のアッセイのデータを開いている場合、表示形式が変わる場合があります。

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。

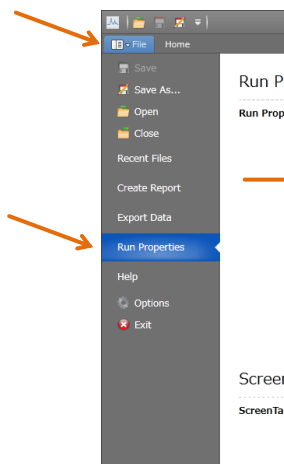
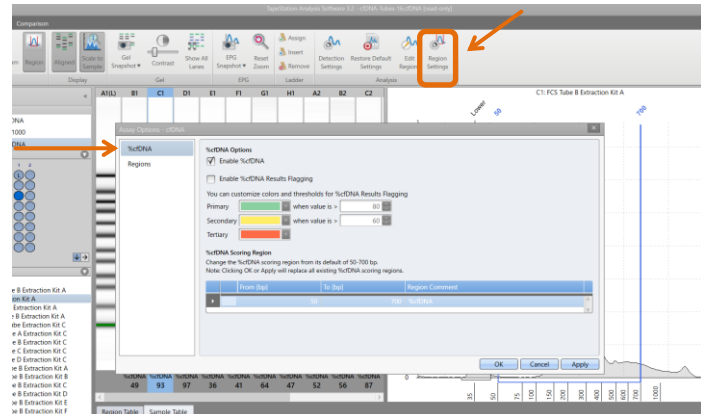
%cfDNA が表示されない場合は p24 をご参照ください。



%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。



Run Properties



ScreenTape

RNA

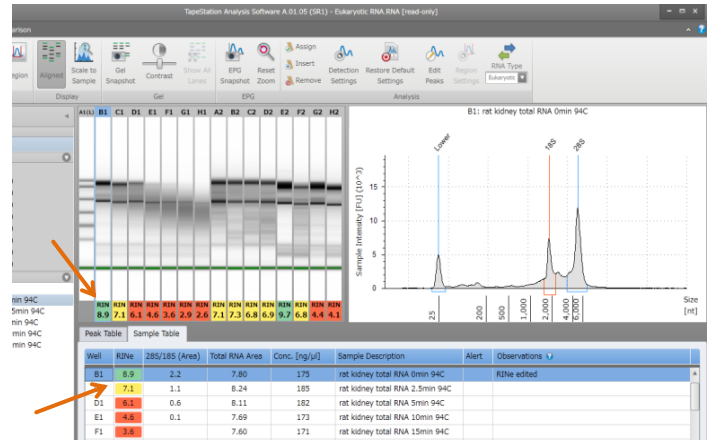
注) RIN^e アルゴリズムが改善されたため、A01.04 以前で計算された RIN^e と値が異なる場合があります。

Total RNAの 分解度を確認する

■ RIN^e (RNA Integrity Number equivalent) の表示

Gel image の下及び
Sample Table に表示されます。

RIN^e が表示されない場合は p24 をご参照ください。

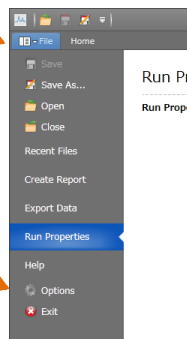
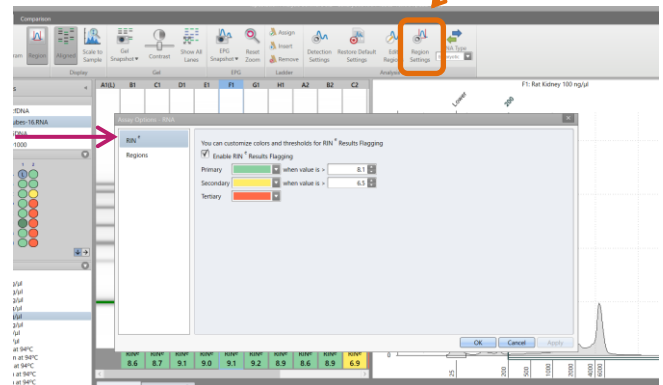
RIN^e の表示設定の変更

“Region Settings” から “RIN^e” 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。

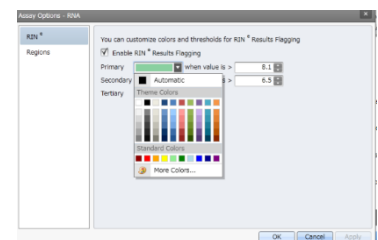
RIN^e の表示色 (デフォルト設定)

	>8.1
	>6.5
	6.5以下



Run Properties

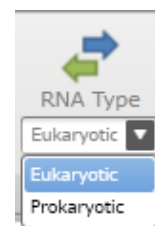
Run Proper



■ 生物種の切り替え

RIN^e 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。

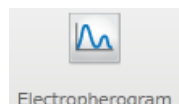


RNA

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

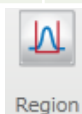
Peak Table: 各ピークのデータが表示されます。

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	• % of Total • Area • From [%] • From [nt] • Height • Peak Number • Run Distance [%] • To [%] • To [nt]
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 ^e	RIN ^e が表示されます	• 28S/18S (Height) • rRNA Area • 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) • Total RNA Area
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 表示の場合



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

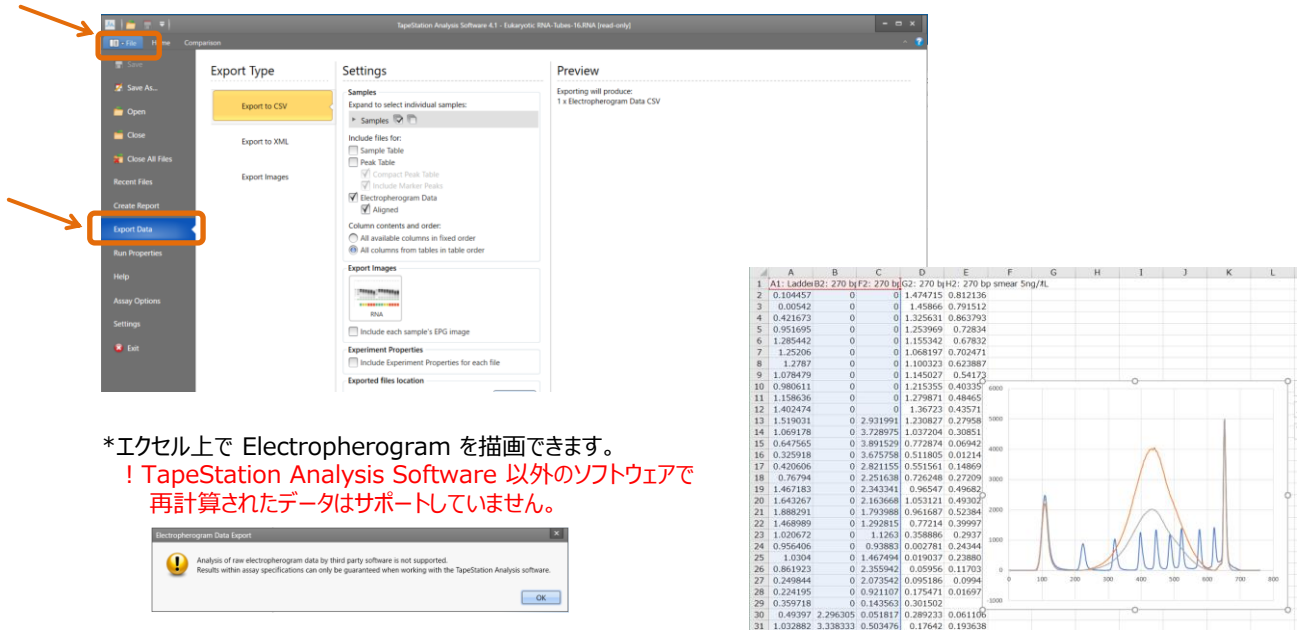
! Region の濃度は Sample Table には反映されません!Region Table: 各 Region のデータが表示されます。

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	• Area • 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 • Region Number
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

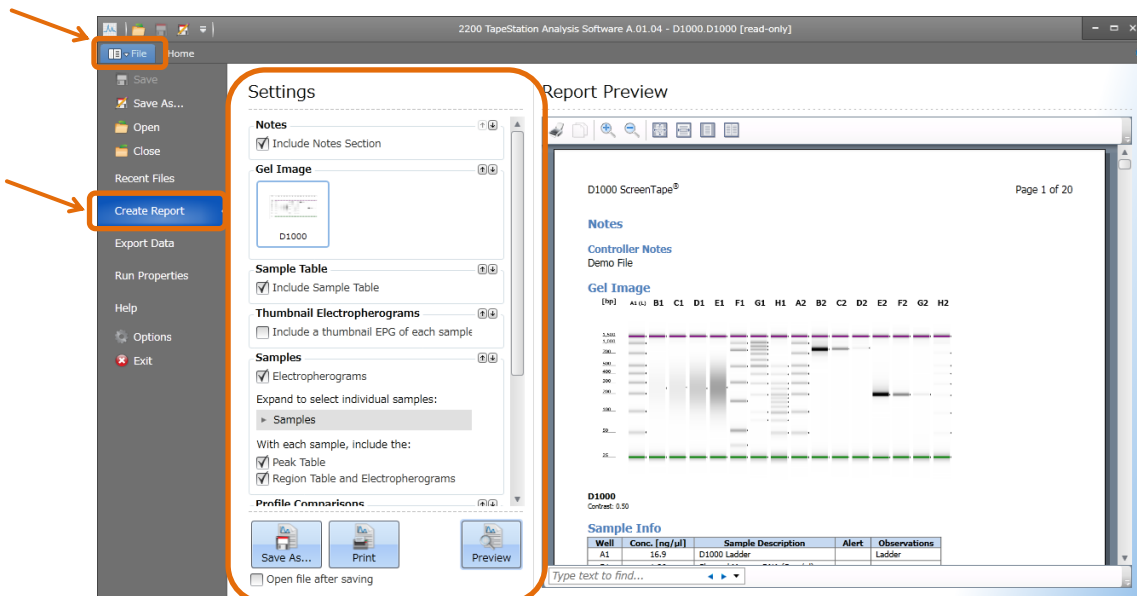
File タブから “Export Data” を選択し、出力したい形式を選びます。

Peak/Sample/Region Table/Electropherogram Data* 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

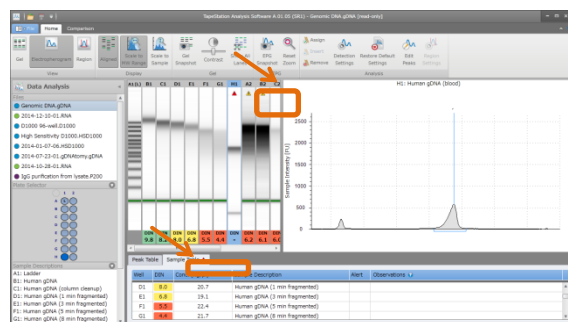
File タブから “Create Report” を選択します。レポートに含むデータは “Settings” で自由を選択できます。PDF 形式で作成されます。



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^e、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。	使用期限内の ScreenTape や試薬を使用してください。
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。)	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。
Ladder	サイズ計算に使用された Ladder のレーン。	修正の必要はありません。 Electronic Ladder の場合、Sample Description Electronic Ladder と記載されており、ウェルには “EL” と表示されます。
Sizing changed	サイズ計算に使用された Ladder のピークが変更された。	修正は必ずしも必要ではありません。 元のサイズ結果に戻す場合、“Restore Default Settings” を使用してください。→p7⑬
28S edited, 23S edited, 16S edited, 25S edited	ピークの編集、またはアサインが変更された。RIN ^e の値に影響する可能性があります。	RIN ^e は表示されます。 元の結果に戻す場合、“Restore Default Settings” を使用してください。→p7⑬
Marker(s) not detected	Lower/Upper 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 ^e 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 Marker が検出されていない場合は泳動しなおしてください。
Edited Lower Marker, Upper Marker	Markerの編集、またはアサインが変更された。サイズや定量値に影響する可能性があります。	修正は必ずしも必要ではありません。 元の結果に戻す場合、“Restore Default Settings” を使用してください。→p7⑬

Observation	詳細	対処法
Ladder run as sample	Ladder がサンプルとしてアサインされている。 DIN/%cfDNA は表示されません。	Ladderを再アサインしてください。→ p9
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る可能性があります。 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。→p24 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る可能性があります。	Ladderのピークを確認し、 正しくアサインしてください。→p24
Markers outside standard running position	Markerが予想される移動度から外れている。 ゲル画像は補正され表示されますが、 サイジングに影響が出る可能性があります。	Markerをマニュアルでアサインしてください。→ p10 Marker が検出されていない場合は 泳動しなおしてください。 Agilent Information Centerのトラブル シューティングを参照してください。
Peak out of Sizing Range	分析分子量範囲から外れている。	サイズや定量値は信頼性がありません。 より最適な別のAssayを選択してください。
No electrical current flow detected. Electrophoresis failed	電流が流れていない。 ScreenTape、電極、または装置のいずれかに問題があります。	ScreenTapeの電極周辺に汚れ等が 付着していないか確認してください。 ハードウェア診断を行ってください。 頻発する場合はサポートにお問い合わせ ください。
Sample concentration outside recommended range	定量濃度が範囲から外れている。 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。
RIN ^e edited	RIN ^e が編集された。	RIN ^e は表示されます。 ソフトウェアがデフォルトで 計算したRIN ^e を表示するには “Restore Default Settings”を使用してください。 →p7 ^⑬
RNA concentration outside recommended range for RIN ^e	RIN ^e 推奨濃度範囲から外れている。 RIN ^e の値は信頼性がありません。	推奨濃度範囲内で泳動してください。

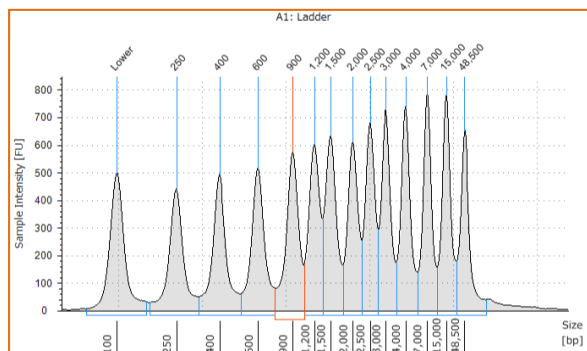
Observation	詳細	対処法
The upper ribosomal fragment has degraded	高分子側のrRNAが分解している。	データを確認してください。 Agilent Information Centerのトラブルシューティングを参照してください。
The lower ribosomal fragment has degraded	低分子側のrRNAが分解している。	
The lower ribosomal fragment is missing	低分子側のrRNAが認識されていない。	
DIN edited (Marker position changed)	DINが編集された。 Markerの位置が変更された場合、表示されます。DINの値が変更された可能性があります。	DIN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。 →p7 ^⑬
DIN edited (Ladder sizing changed)	DINが編集された。 Ladderのピークが変更された場合、表示されます。DINの値が変更された可能性があります。	
Sample concentration outside functional range for DIN (and this assay)	DIN推奨濃度範囲から外れている。 DINの値は信頼性がありません。	推奨濃度範囲内で泳動してください。
Sample concentration outside functional range for %cfDNA and the assay	%cfDNA推奨濃度範囲から外れている。	
cfDNA Edited	%cfDNAが編集された。 Markerの位置、Ladderのサイズ、Regionが変更された場合、表示されます。	%cfDNAは表示されます。 ソフトウェアがデフォルトで計算した%cfDNAを表示するには“Restore Default Settings”を使用してください。 →p7 ^⑬
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。 →p24
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。	
File does not have ladder assigned	Ladderを泳動していないか、アサインされていません。 DIN/%cfDNA は表示されません。	Ladderを再アサインしてください。→p9

DIN/%cfDNA が表示されない場合

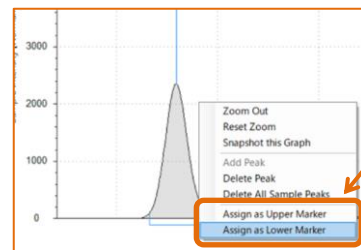
⚠ Ladder のピークを確認してください

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）

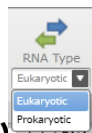
RIN^e が表示されない場合

⚠ 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^e が適切な値でない場合

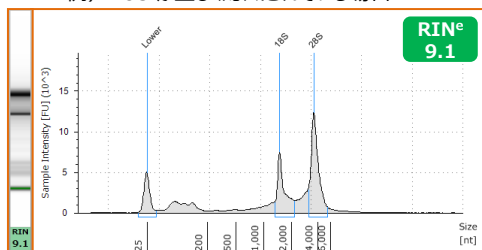
rRNA のピークや分解物（低分子側）のシグナル分布から予測される分解度に対し RIN^e が適切な値でない場合

・生物種が正しいか確認をしてください。

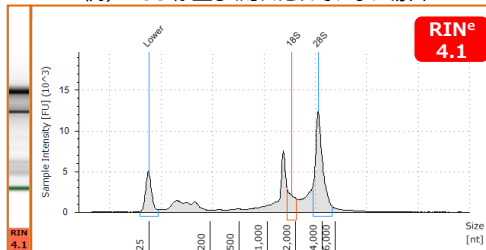


・18S または 16S のピークを確認してください。

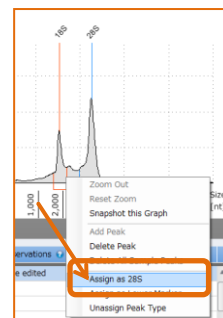
例) 18S が正しく認識されている場合



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

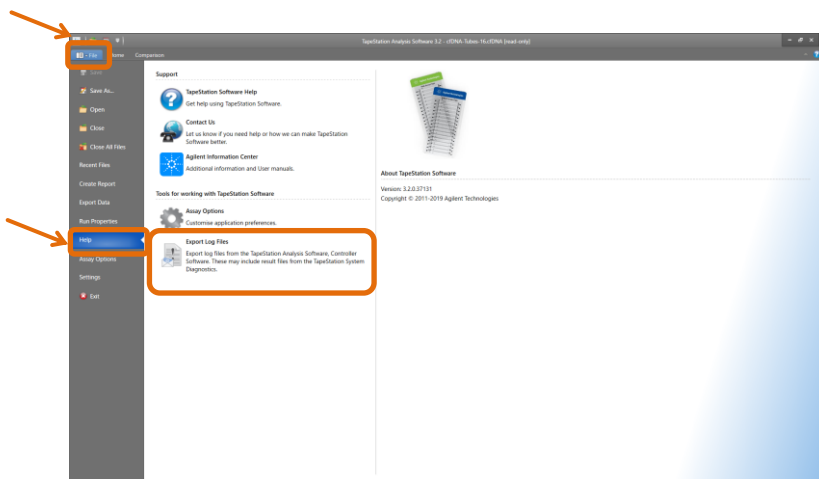
rRNA のピークを選択し（青く表示されます）右クリックから“Assign as 18S/28S/16S/23S”を選択してください。



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-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

=====