

Fragment Analyzer System / Femto Pulse System / ZAG DNA Analyzer System

データ解析ソフトウェア ProSize 3.0 簡易操作マニュアル

Ver. 2020.1

データを表示・閲覧する	
解析ファイルを開く	2
メイン画面	3
サンノル・分析情報	4 5
ノンダルクルイスーン エレクトロフェログラム	5
Peak Table	9
データを解析する	
ピークの編集	10
解析パラメータの変更	12
Smear Analysis	13
Flag Analysis	15
テータの重ね合わせ	16
Ladderの設定 Ladder に関するError が発生した提合	18 10
アッヤイごとの機能	
データを出力する	
データ出力	23
レポートの作成	23
Batch Processing	24
生テータの出力	24



	File	Administration	Analysis	Option	Project	В
r Manala No. Annualane inter Anne Kapit Kathan ng Ng Ra V_ ⊕ № № © O		e i i i i i i i i i i i i i i i i i i i	🌐 <mark>P</mark>	csy	3	

メイン画面 (データ未選択時)

Open	- 6 ×
	S ple Information
CURROSine 2 /0 Dente	1 centrel 1
TAC DALA A	control 2
Enoment Analyzer	3 Test 1
DNE-930 40NA (35-500)	4 Test 2
DNF-920 dsDNA (75-15000)	p Tet 3
10-34-17	
2014 10 15 10H 34M.raw	5 Tet 6
DNF-915 dsDNA (35-5000)	2 Test 7
DNE-070 LIS Small Examplest (1, 1500)	10.
DNF-476 Small Exament (1-1500)	1 Ladder
DNF-474 HS NGS (1-6000)	14 LADAY
DNF-473 NGS Fragment kit (1-6000)	
DNF-472 HS RNA kit 15nt	
DNP-471 KNA KE 15ht	
DNF-440 Small Prev DNF-468 HS Genomic 50 kb	
DNF-467 Genomic 50 kb	
DNF-464 HS Large Fragment	
Fernto Pulse	
	サンノル名 サンノル名
	デービュー
テージ浜灯	
• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	
	Notes
	examine Method DNF-920-33 - DNA 75-15000bn.mthds
	vice Serial # 216
	A Version # 1.0.2.9
	apillary Serial # 060214-025F5
	ffective Length (cm) 33
	rray Usage Count 158
	el Prime Disable
	ionditioning Enable
	el Selection Gel 1
	el Prime to Buffer Disable
	verun Enable 7.0 kV 30 s
	inse Disable
	Arker Einable
	ample lijection Enable ケナ 不斤 (7) 言手 糸田
	ample bjection Enable generation Enable transle
	mere instance quantien ny Name Tage 1 クワ 杯の 評知
	mere lenston Eusle granten ty Hama Eusl Ty Hama Eusl
	week tension Evale generation ay Name Tag-1 5分 杯の 計料
Open Occase	merke instance garantice tay Rama Eng-1 分析の評料
Open Cancel	meter legistion Easter generation Easter gener
Open Cancel	merke tracketon Evale granten tay Rame Evale Tay 1
Open Cancel	mere legistion Easle granden wy theme tray 1 50 杯の計料
Open Cancel	merke function Ender granten ay Name Tag-1
Open Cancel	

データ選択画面

メイン画面の構成

・ 共通アイコン
 機能ショートカットとして利用できます。

Plate map

サンプル情報・分析メソッドの確認・編集ができます。

デジタルゲルイメージ
 マーカーで泳動度が補正されたゲル画像が表示されます。

エレクトロフェログラム
 選択サンプルのエレクトロフェログラムが表示されます。

• Peak Table

選択サンプルの解析結果が表示されます。設定により表示されるタブが追加さ れます。



メイン画面 (データ選択時)



Plate map 閉じる Sample Names \boxtimes 5 6 3 4 7 8 9 10 11 12 A1 Plant1 Δ A2 Plant2 В A3 Plant3 C A4 Plant4 D A5 Plant5 Ε Plant6 A6 A7 Plant7 A8 Plant8 A9 Plant9 A10 Plant10 A11 Plant11 A12 Plant12 B1 Plant13 B2 Plant14 2

Plate Map

サンプル名

閉じる

サンプル名の確認・編集

💼 をクリックして表示されるサンプル名画面では、サンプル名の編集がで きます。 🖂 をクリックすると表示を終了します。

分析メソッドの確認

🕦 をクリックすると分析メソッドが表示されます。

a DNF-915-33 - DNA 35-5000bp.mthds	$\overline{\mathbf{x}}$
⊠Full Conditioning □Gel Prime to Buffer Gel Selection Gel 1 □Gel Prime	_
⊠Perform Prerun Voltage: 6 kV Time: 30 Sec.	
Rinse Tray: 1 Row: A # Dips 1	
Marker Marker Row: A	
●Voltage Injection Voltage: 5 kV Time: 10 Sec.	
各パラメータ設定 - OVacuum Injection Pressure: -2 PSI	
Rinse Tray: 1 Row: A # Dips 1	
⊠Sample Injection	
●Voltage Injection Voltage: 5 kV Time: 10 Sec.	
OVacuum Injection Pressure: -2 PSI	
⊠Separation Voltage: 6 kV Time: 50 Min.	
Tray Name Tray-1	
使用したメソッドファイル —— Separation Method DNF-915-33 - DNA 35-5000bp.mthds	
Capillary Serial # 051718_06555 Effective Length (cm) 33	1
装置・キャピラリ信報 Capillary Usage count 34	
2010年1月日本 Device Serial # 4050 FA Version # 1.2.0.11]
Notes:	
	`
分析メモ	
↓ v	*

分析メソッド



ゲルイメージの表示設定はコントラストバー・ツールバーから行います。 ゲルレーンを選択する場合は、ダブルクリックをします。



ツールバーの機能





変更した表示設定について

- Gel Image Colorは他のデータにも反映されます。
- Hide / Show Marker Peaks, Hide / Show non-integrated peaks, Gaussian Fitは ソフトウェアを終了すると解除されます。
- その他の設定はデータを閉じると解除されます。





エレクトロフェログラムの表示

ピークラベル → ⁸ す。

- 以下のいずれかの方法でサンプルを選択します。 • Wellをクリック
- サンプル名をクリック
- ゲルレーンをダブルクリック



ツールバーの機能

- **Q**
- ① Zoom ドラッグで選択した範囲を拡大します。
- (*)
- ② Drag
 - ドラッグでエレクトロフェログラム位置を動かします。
- 3 Autofit

」でIII Zoom・Dragを解除します。

④ Copy エレクトロフェログラムをコピーします



⑤ Peak Label ピークトップの表示を下記のいずれかに変更します。 None / Peak ID / Migration Time (min/sec) / Peak Height / Corrected Peak Area / Size (bp) / Concentration (ng/uL) / nmole/L



⑥ Create Annotation 矢印とラベルを描写します。

- 쭏 ⑦ Edit Annotation Annotationを編集・削除します。
- Ш
- Show / Hide Baseline ベースラインを表示/非表示にします。
- ⑨ Show / Hide Peak Start / End Point
 ピークの始点と終点を表示/非表示にします。



Peak Tableを隠し、エレクトロフェログラムを拡大表示します。

軸表示の設定

横軸・縦軸のラベルを右クリックし、各軸の表示/単位設定を変更できます。

縦軸:RFUとnmol/µLから選択できます。

横軸:TimeとSizeから選択できます。Set Display Starting Timeより、表示される エレクトロフェログラムの開始点を変更できます。

Peak Table

Peak Tableには認識されたピーク・サンプルの解析結果が出力されます。 アッセイ・設定によって表示される項目が変わります。

Pea	k Table								4
	Size (bp)	ng/uL	% (Conc.)	nmole/L	From (bp)	To (bp)	Avg. Size	CV%	3
1	1 (LM)	0.0070		9.1797	0	10	1	649.38	
2	101	0.0820	7.1	1.3333	10	156	81	43.17	
3	199	0.0574	5.0	0.4745	156	254	198	0.98	
4	300	0.0575	5.0	0.3154	254	354	299	0.57	
5	400	0.0653	5.7	0.2688	354	444	399	0.42	
<u>_</u>	400	0 1 700	45.7	0.5004	414	F77	400	0.72	
		· •					[
	TIC:	1.1547	ng/uL						
	TIM:	4.0626	nmole/L						
	Total Conce	1 1550	ng/ul						

項目	内容
Size (bp or nt)	ピークトップのサイズ マーカーピークにはLM (Lower Marker)、UM (Upper Marker)が表記されます。
ng/uL	ピーク濃度
% (Conc.)	ピーク面積の割合
nmole/L	ピークのモル濃度
From	ピークの始点サイズ
То	ピークの終点のサイズ
Avg. Size	ピークの平均サイズ
CV %	ピークの変動係数
TIC	ピーク濃度の合計
TIM	ピークモル濃度の合計
Total Conc.:	サンプルの総濃度

濃度の単位設定を変更する場合は、

メニューバーのOptionよりConcentration Unitを変更してください。



ProSizeでは編集が自動保存されます。

エレクトロフェログラム上の編集を加えたい 位置にカーソルを合わせ<u>右クリック</u>をするこ とでピークのマニュアルでの編集ができます。

Accept	Change
Cancel	
Undo	

Set As Lower Marker Set As Upper Marker Add Peak Split Peak Merge Peaks Delete Peak Move Peak Start/End Points ------Copy Image to Clipboard Export Data to Excel

ピーク編集コマンド

ピークの追加

- 1. Add Peakを選択します。
- 2. 始点と終点をドラッグして移動します。
- 3. 右クリックしてAccept Changeを選択します。



ピークの分割

- 1. Split Peakを選択します。
- 2. 分割したい位置をドラッグして設定します。
- 3. 右クリックしてAccept Changeを選択します。



ピークの結合

- 1. Merge Peakを選択します。
- 2. 結合したいピークをまたぐようにドラッグして始点・終点を設定します。
- 3. 右クリックしてAccept Changeを選択します。



ピークの削除

削除したいピーク上で右クリックし、Delete Peakを選択します。



ピーク始点/終点の移動

- 1. Move Peak Start/End Pointsを選択します。
- 2. 始点と終点をドラッグして移動します。
- 3. 右クリックしてAccept Changeを選択します。



Cancel

ピーク編集の途中で操作を取り消します。

Undo

1ステップのみ編集前の状態に戻します。

Copy image to Clipboard 画像データをコピーします。

Export Data to Clipboard グラフの数値データをコピーします。

Export Data to Excel

グラフの数値データをExcelに出力します。

解析パラメータの変更

- 1. Peak Table右のSet Individual Parameters 🚿 をクリックします。
- 2. 各タブを選択し、設定を変更します。表示されるタブはアッセイによっ て異なります。____
- 3. Show Results III を選択すると、Peak Table画面に戻ります。

1		Set	Individual Paramete	ers	
Peak Table				×	
Size (bp)	ng/uL % (Conc.) (ng/uL)	nmole/L			
			Show Res	ults	
Advanced Flag	Inclusion	Region	Advanced Settings		
Peak Analysis	Marker Analysis	Quantification	Smear Analysis	Flag	
項目	内容				
Peak Analysis*	Peak Analysis* ピーク検出の設定				
Marker Analysis*	マーカ・	ーピーク検出の設定	Ē		
Quantification*	定量方法	法の設定			
Smear Analysis	Smear Analysis Smear Analysisの設定 (P.13参照)				
Flag	Flag Analysisの設定 (P.15参照)				
Advanced Flag	d Flag Advanced Flag Analysisの設定				
Inclusion Region	自動解相	所を行うサイズ範囲	の設定		
Advanced Setting	s 解析モ-	- ドの設定			

*基本的には変更を行わない項目です。

Smear Analysis

Smear Analysisでは任意のサイズ範囲のシグナル解析を行うことができます。

- 1. Peak Table右のSet Individual Parameters [≫]をクリックし、Smear Analysisタブを選択します。
- Start Size (bp/nt)、End Size (bp/nt) に開始・終了サイズを入力します。
 Display Smear Rangeより設定範囲のエレクトロフェログラムへの表示/ 非表示、色を選択します。
- 選択しているサンプルに設定が適用されます。
 Apply to Allをクリックすることですべてのサンプルに、Apply to Selectedからサンプルを選択することで、選択したサンプルに設定を適用できます。
- 4. Show Results 📕 をクリックし、Peak Tableに戻ります。
- 5. Peak Tableタブの隣にSmear Analysisタブが現れ、設定したサイズ範囲での解析結果が表示されます。

Advan	ced Flag		Inclusion I	Region		Adva	nced Settin	gs	
Peak A	alysis	ysis Marker Analysi		Quantification		n Smear Analysis		Flag	j –
		Start Size (bj 350	p) End 3	Size (bp)	Displ	ay Sm	iear Range		
	Start S	ize		End Size			Display	/ Smear	Range
		0	0			\bigcirc			
		0	0			\bigcirc			
		0	0			\bigcirc			
		0	0						
		0	0			\bigcirc			
	-	Apply to All			Ар	ply to	Selected		
	(0			0				

Smear Analysis 設定画面

Peak Table	Sme	ar Analysis							X
ID		Range		ng/uL	% Total	nmole/L	Avg. Size	%CV	*
B1: NGS Lib #	1	350 bp to 100	10 bp	18.1865	83.4	59.9384	499	15.74	
B2: NGS Lib #	1	350 bp to 100	10 bp	17.6879	82.9	57.9275	502	16.06	
B3: NGS Lib #	2	350 bp to 100	10 bp	9.5192	78.3	32.4623	483	14.53	
B4: NGS Lib #	2	350 bp to 100	10 bp	11.9045	78.8	40.4523	484	14.84	

項目	内容
ID	Sample Wellとサンプル名
Range	解析サイズ範囲
ng/uL	設定範囲の濃度
% Total	設定範囲の割合
nmole/L	モル濃度
Avg. Size	平均サイズ
CV %	変動係数

Smear Analysis タブ





Flag Analysisではユーザーが指定したサイズ・濃度条件を満たすピークが検 出できているかを簡単に判別することが可能です。

- 1. Peak Table右のSet Individual Parameters ᄣ をクリックし、Flagタブを選択します。
- 2. フラグの条件入力を行います。
 - Tagにフラグ名を入力してください。
 - Value、Unit 、Rangeを設定します。
 - Flag1つにつき条件は2つまで設定できます。2つ目のの条件を設定する場合、AND/OR/AND NOT/NORのいずれかを選択します。
- 3. 設定した条件は保存・読み込みを行うことができます。
 - Save Flag Parameter:設定した条件を保存します (.Flagファイル)。
 - Load Flag Parameter: Flagファイルを読み込みます。
 - Remove All Flag Parameters: すべてのフラグ設定を削除します。
- 4. Show Results III をクリックし、Peak Tableに戻ります。
- 5. Peak Tableの隣にFlag Analysisタブが表示されます。サンプルが条件を満たす場合「1」、満たさない場合「0」が各カラムに出力されます。



Flag Analysis設定画面

Peak 1	able	Flag Analys	is			
	Samp	le ID	Am 350 AN > 1	np 1 +/- 50 bp D 500 RFU	Amp 2 700 +/- 100 bp AND > 1500 RFU	*
A1	100bp	DNA Ladde	1		1	
A2	100bp	DNA Ladde	1		1	
A3	100bp	DNA Ladde	1		0	
A4	100bp	DNA Ladde	1		1	
A5	100bp	DNA Ladde	0		0	
			-		- I	

Flag Analysisタブ



同一分析内のエレクトロフェログラムを重ね合わせる

Plate mapまたはゲルイメージから重ね合わせたいサンプルを右クリックします。

- 重ね合わせたサンプルのゲルレーンには青色の縦線が表示されます。
- 重ね合わせ状態では、エレクトロフェログラツールバーののCreate Annotation, Edit Annotation, Show/Hide Baseline, Show/Hide Peak Start/End Pointは使用できません。



同一分析内での重ね合わせ

別分析のエレクトロフェログラムを重ね合わせる (Projectモード)

- 1. 共通アイコンの 🕮、あるいはメニューバーのAnalysis より Overlay Samples, メニューバーのProject より Create Projectを選択します。
- 2. 🔁 より、比較したいファイルを開きます。
- 3. Wellをクリックして比較したいサンプルを選択します。
- 4. ゲルイメージと、エレクトロフェログラム重ね合わせ画像が表示されます。
 - エレクトロフェログラム右のバーからエレクトロフェログラムのベース ラインのスペース間隔を調節できます。
 - 表示設定の変更に関してはエレクトロフェログラムの項目を参照ください。
- 5. メニューバーのProject > Save asより比較データを保存できます。



Projectモード画面





メニューバーのAnalysis → Show Size Calibrationまたは共通アイコン の _賞 , を選択すると、Ladder設定の画面が表示されます。



項目	内容
エレクトロフェログラム	Ladderのエレクトロフェログラムが表示されます。操 作方法はピークの編集 (P.10) を参照ください
Default Ladder Well	Ladder Wellの位置を変更できます。
Curve Fitting	Calibration Curveのフィッティング方法を変更できます。 (非推奨)
Use Imported Ladder Profile	Imported Ladderを用いた解析を行います。
Peak Analysis	ピーク検出の設定を変更できます。
Apply	変更を適用し、設定画面を閉じます。
Export	現在の分析のLadderデータを出力します。出力された データは、Imported Ladderとして他の分析ファイルの 解析に使用できます。
Cancel	変更を取り消し、設定画面を閉じます。

Imported Ladder

ProSizeでは以前に測定したLadder情報を使用して解析を行うことが可能です。 一部のKitでは推奨しておりません(各Kitの英語マニュアルを参照ください)。

Ladder に関するError が発生した場合

Ladderの分析結果と、Ladder設定のピーク本数が合わない場合、画面下部に 赤色の点滅で"Warning: Mis-match between detected peaks and ladder assignment! No sizing calibration curve is established"が表示されます。その 場合Ladder設定 (P.18参照) よりLadderレーンのデータを修正してください。



- LadderをデフォルトのWell以外に調製した場合
 Default Ladder WellよりLadder位置を指定します。
- ・ ピーク本数が不足している場合

Peak Analysisの各パラメータの閾値を下げます。あるいは、 エレクトロフェログラムから手動でピークを追加します。

・ ピークを過剰に認識している場合

Peak Analysisの各パラメータの閾値を上げます。あるいはエレクトロフェログラムから手動でピークを削除します。

アッセイごとの機能

DNAアッセイ

Genomic DNAアッセイを除くDNAアッセイでは、任意のサイズを超えるサン プルの割合を示す、DNA Quality Number (DQN)を0~10のスコアで出力する ことが可能です。

- 1. メニューバーのOptionを選択し、DNA Quality Number (DQN) をEnabledに 設定します。
- 2. Peak Table右のSet Individual Parameters ᄣ からDNA Quality Numberを 選択します。
- 3. Size Thresholdに任意の値を入力します。
- 4. 複数のサンプルに設定の適用する場合、Apply to AllまたはApply to Selectedを選択します。
- 5. Show Results III をクリックし、Peak Tableに戻ります。
- 6. Peak TableにDQNと設定したThresholdが表示されます。



Peal	k Table S	imear Ana	lysis					
	Size (bp)	ng/uL	% (Conc.) (ng/uL)	nmole/L	From (bp)	To (bp)	Avg. Size	CV%
1	1 (LM)	0.0124		9.0390	0	16	2	145.52
2	40	0.0462	0.8	1.7195	26	70	44	13.85
3	92	0.0019	0.0	0.0335	87	97	91	1.25
4	335	0.7523	12.5	4.3571	130	336	284	13.66
5	499	3.3818	56.2	12.2298	336	582	455	14.61
6	612	1.3753	22.8	3.1656	612	882	715	10.50
7	1086	0.4619	7.7	0.4561	1086	3847	1667	37.72
8	6000 (UM)	0.0067		0.0018	5661	7780	6097	5.86
	TIC:	6.0194	ng/uL					
	TIM:	21.9617	nmole/L					
	Total Conc	.: 6.6593	ng/uL					
	DQN:	9.3						
	Threshold:	300						
		1						

Genomic DNA アッセイ

Genomic DNAアッセイでは、任意のサイズを超えるサンプルの割合を示す、 Genomic Quality Number (GQN)を0~10のスコアで出力することが可能です。

- 1. Peak Table右の ᄣ からGenomic Quality Numberを選択します。
- 2. Size Thresholdに任意の値を入力します。
- 3. 複数のサンプルに設定の適用する場合、Apply to AllまたはApply to Selectedを選択します。
- 4. Show Results 🎚 をクリックし、設定を閉じます。
- 5. Peak Table内に算出されたGQNと設定したThresholdが表示されます。



Pea	ak Table								×
	Size (bp)	ng/uL	% (Conc.)	nmole/L	From (bp)	To (bp)	Avg. Size	CV%	A
1	1 (LM)	0.0297		38.8304	0	49	2	270.37	1
2	24959	1.7777	100.0	0.1173	2239	47885	23831	25.44	
L									
	TIC:	1.7777	ng/uL						
	TIM:	0.1173	nmole/L						
	Total Conc.:	1.7895	ng/uL						
	GQN:	9.6							
	Threshold:	10000							

Total RNAアッセイ

RNA Modeでは、total RNAの分解度指標であるRNA Quality Number (RQN)を算 出することができます。RQNは1-10のスコアで算出され、1に近いほど分解が 進んだサンプルであることを示します。

- 1. Peak Table右のSet Individual Parameters ᄣ からAdvanced settings タブ を開きます。
- 2. 生物種に応じたモードを選択します。 RNA (Eukaryotic)、RNA (Prokaryotic)、Total RNA (Plant)から選択しま す。
- 3. Show Results III をクリックし、Peak Tableに戻ります。
- 4. Peak Tableタブにサンプルの総濃度、rRNA比、RQNが表示されます。

エレクトロフェログラムではrRNAピークが色付きで表示され、右クリックからrRNAピークの認識を変更できます。

ık Analysis Marker Analysis Quantification Smear Analysis FI tal RNA Exclusion Region Advanced Flag Inclusion Region Advanced Sett	B Pe	ak Table					
		Size (nt)	ng/uL	% (Conc.) (ng/uL)	nmole/L	K. (RNA Property Summa
Show Marker Information on Peak Table	1	15 (LM)	0.5471		92.2848		ng/uL
۲	2	111	13.7967	2.2	400.4543		700.6476
Mode RNA (Fukanotic)	3	131	71.8626	11.4	1731.4836		28S/18S
Minimum DELLAR Const De service	4	144	16.4772	2.6	355.7952		1.5
2	5	158	70.5178	11.2	1397.0143		RNA Quality Numbe
	6	1175	13.5402	2.2	35.3089		9.1
	7	1584	166.7873	26.6	330.0974		J

Peak Table (RNA (Eukaryote) Mode)



mRNAアッセイ

mRNAアッセイでサンプルを測定した場合、total RNAの混入度を示す% RNA ContaminationがPeak Tableに表示されます。 rRNA由来ピークが色付きで表示されます。右クリックから認識を変更でき ます。 Peak Table ※

	Size (nt)	ng/uL	% (Conc.)	nmole/L	A	mRNA Property Summary	
1	15 (LM)	0.0239		4.8022		%rRNA Contamination	
2	118	0.0330	1.3	0.8677		10.6	
3	149	0.0560	2.1	1.1693		19.6	
4	176	0.0230	0.9	0.4062			
5	231	0.0149	0.6	0.2009			
6	360	0.0563	21	0.4870			

Peak Table (mRNA Mode)



エレクトロフェログラム (mRNA Mode)

Accept Chang	e
Cancel	
Undo	
Set As Lower	Marker
Set As Upper N	Marker
Add Peak	
Split Peak	
Merge Peaks	
Delete Peak	
Move Peak Sta	art/End Points
Copy Image to	o Clipboard
Export Data to	Clipboard
Export Data to	Excel
Set As 18S	
Set As 28S	

Small RNAアッセイ

Small RNAアッセイではmicroRNA、small RNAの濃度・割合が自動で算出され Peak Tableに表示されます。それぞれの領域のサイズ範囲はPeak Table右の Set Individual Parameters 🚿 のsmall RNA Regionタブで変更できます。

Pea	k Table						Ж
	Size (nt)	ng/uL	% (Conc.)	nmole/L	*	small RNA Summary	
1	1 (LM)	0.0646		134.7919		%microRNA	
2	53	0.0592	16.0	3.4249		12.2	
3	67	0.2264	61.0	10.5109		15.2	
4	109	0.0394	10.6	1.1263		smallRNA (pg/uL)	
5	132	0.0460	12.4	1.0792		456.9	
						microRNA (pg/uL)	
						60.2	
	TIC:	0.3710	ng/uL			J	
		1.0.0.00	• •				l I

Peak Table (Small RNA Mode)

Peak Analysis	Ma	rker Analys	sis	Quantifi	cation	Sme	ar Analysis	Flag	\blacksquare
small RNA Region	aak Analysis Marker Analysis aall RNA Region Advanced Flag Small RNA Size Region Min. (nt) Max 10 0 0 40		d Flag	Inclu	ision Regi	on	Advanced S	ettings	
	Small	RNA Size R	egion						
	Min	. (nt)	Max.	miRNA (nt) Max. Sr	nall RNA	(nt)		
	10	_	40	-	200	•			
			-10		200				
	App	ly to All				Apply	to Selected		
	0					0			
-									

設定画面



メニューバーのFile>Generate Reportまたは共通アイコンの ^凹を選択し、 出力したい項目を選択します。レポートはPDF形式で作成されます。

					×
Run Summary	۲	Peak Table 🛞	Electrophere	ograms	
 Method Detail 	۲	Traces Summary	● Gel Image	Sample Name	
○ Flag Analysis	۲)Smear Analysis	Calibration	Curve	
O Advanced Flag	۲) GQN Summary 🛞			
Sample Option					
All Samples	Selected Sample	5			
Show Integration Para	meters Informatio	on Show Annotation	1		
Logo B				b	
🧾 Genera	te PDF Report		💥 Cancel		



メニューバーのFile>Export Dataまたは共通アイコンの ^{ピピ}を選択し、 出力したい項目・形式を選択します。数値データをCSV形式で、画像 データは選択したフォーマット形式で出力されます。

	Sar	mple Option			
	Al	I Samples	Selected Samples		
Export All					
) Peak Table	Standard	Alternate (🖲 Quality Table	
Smear Analysis Table					
O Flag Criteria Analysis T	able Standard	Alternate			
Advanced Flag Criteria Electropherogram - Exp	i Table ports as csv File				
Advanced Flag Criteria Electropherogram - Exp File Export Option for elect	n Table ports as csv File ctropherogram		X Axis Scale Option		
Advanced Flag Criteria Electropherogram - Ext File Export Option for elect Single File Single File	i Table ports as csv File ctropherogram Separatec O	l Files	X Axis Scale Option Size Scale ()	Time Scale	
Advanced Flag Criteria Criter	i Table ports as csv File ctropherogram Separatec O	I Files	X Axis Scale Option Size Scale (************************************	Time Scale	
Advanced Flag Criteria Clectropherogram - Eq File Export Option for elec Single File Cleve Size Calibration Data Cleve Gel	n Table ports as csv File ctropherogram Separatec	I Files ✓ Sz	X Axis Scale Option Size Scale () simple Name	Time Scale O	
Advanced Flag Criteria Clectropherogram - Eq File Export Option for elec Single File Single File Ges Ges Image Format For Electrop	n Table ports as csv File ctropherogram Separatec O	I Files ∠Sz	X Axis Scale Option Size Scale () ample Name	Time Scale	

複数解析ファイルのデータ・レポート出力を一括して行うことができます。

- 1. メニューバーのBatch Processing > Batch Data Processを選択します。
- Folder Selectionからデータ出力を行いたいフォルダを選択します。
 フォルダ内のデータはSelected Dataにリスト化されます。
- 3. 出力したい項目を選択します
- 出力先のフォルダを選択します。
 空欄の場合、データと同じフォルダに出力されます。
- 5. Startを選択します。

	ファイルの選択			出力先	
older Selection			Export Path (If empty, uses data path)		-
C:\PROSize 3.0\Demo\Femto Pulse			8		
slected Data CRPROSez 3:0.Demoi/Femto Pulse/FP-1201 US CRPROSez 3:0.Demoi/Femto Pulse/FP-1201 US CRPROSez 3:0.Demoi/Femto Pulse/FP-1201 US CRPROSez 3:0.Demoi/Femto Pulse/FP-1101 US CRPROSez 3:0.Demoi/Femto Pulse/FP-1002 gDN CAPROSez 3:0.Demoi/Femto Pulse/FP-1002 gDN	NAVFP-1201 Univeral Mouse Ref Total RNA Dilution SAVFP-1201 Mouse mRNA Dilution Series/2017 01 05 IGS/Smear dilution 15-49-07/2017 01 21 15H 49M.raw 063/3010 pd diluton series 21-30-31/2016 10 13 21 Ha B & C17-54-18/2018 10 05 17H 54M.raw A 165 kb/vest textractions 165Kb Ext F12102 12-22-32 A 165 kb/vest Extractions 165Kb EXT F12102 12-24-35	rries/2017.05.01.17H 16M.raw 🔥 6H 18M.raw A.raw 2018 08 04 17H 27M.raw 2018 08 04 12H 41M.raw	PDF Pesk Table (Standard Format) Pesk Table (Alternate Format) Smear Analysis Table Flag Criteria Analysis Table (Stand Flag Criteria Analysis Table (Altern Advanced Flag Criteria Table Quality Table Electropherogram	ard Format) ate Format) 目の選択	

生データの出力

データに関して弊社にお問い合わせいただく際に、送付をお願いすることが ございます。該当のデータを開き、メニューバーのHelp>zip opened data file で保存されるzipフォルダを添付し、下記アドレスにお送りください

製品に関するお問い合わせ

Tel: 0120-477-111、Mail: email_japan@agilent.com

電話・メール受付時間(土、日、祝祭日、5/1を除く)

9:00~12:00, 13:00~17:00

